

PCT

WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales Büro



INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

<p>(51) Internationale Patentklassifikation ⁶ : C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, A61K 38/17, G01N 33/68, C12Q 1/68, C12N 15/62, A61K 48/00, C12N 5/10, 15/70, 15/79, 15/10</p>	<p>A2</p>	<p>(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/54461</p> <p>(43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 28. Oktober 1999 (28.10.99)</p>
<p>(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01174</p> <p>(22) Internationales Anmeldedatum: 15. April 1999 (15.04.99)</p> <p>(30) Prioritätsdaten: 198 17 948.0 17. April 1998 (17.04.98) DE</p> <p>(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).</p> <p>(72) Erfinder; und</p> <p>(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weissig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).</p>	<p>(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).</p> <p>Veröffentlicht <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i></p>	
<p>(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES OF ENDOMETRIUM TUMOUR TISSUE</p> <p>(54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS ENDOMETRIUMTUMORGEWEBE</p> <p>(57) Abstract</p> <p>The invention relates to human nucleic acid sequences (mRNA, cDNA, genomic sequences) of endometrium tumour tissue, coding for genetic products or parts thereof, in addition to the use thereof. The invention also relates to the polypeptides obtained according to said sequences and to the use thereof.</p> <p>(57) Zusammenfassung</p> <p>Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen-mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Endometriumtumor, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.</p>		

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidshan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	UA	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UG	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	US	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko		Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KP	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire		Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Endometriumtumorgewebe

- Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Endometriumtumor, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung. Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.
- 10 Eine Krebstodesursachen bei Frauen ist der Endometriumtumor, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.
- 15 Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine
- 20 Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die
- 25 experimentelle Herangehensweise sehr.
- Für die Suche nach Kandidatengenen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags)
- 30 sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350
- 35 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der
- 40 cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.
- 45 Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich
- 50 größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehend vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen

Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

- 5 Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1 bis Seq. ID No.141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Endometriumtumor eine Rolle spielen.

- 10 Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 1-126 und Seq. ID No 531-552, 554, 555.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- 15 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID Nos. 1-126 und Seq. ID No 531-552, 554, 555.
- 20 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
- oder
- 25 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

- 30 Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos 1-126 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

- 35 Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555, die im Endometriumtumor erhöht exprimiert sind.

- 40 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos 1-126 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 hybridisieren.

- 45 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

- 50 Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 1-126 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein

bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

- 5 In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia),
10 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

- 20 Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 25 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 30 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den
35 Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 40 Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

- 45 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren.
50 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID Nos 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635.

5

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der ORF. ID Nos. 142-528 und Seq. ID Nos. ORF 561-575, 577-625, 630-635 aufweisen.

10

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 kodiert werden.

15 Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Antikörper können u.a. durch ein Phage Display Verfahren identifiziert werden. Auch diese Antikörper sind Gegenstand der Erfindung.

20 Die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen können in einem Phage Display Verfahren verwendet werden. Die mit diesem Verfahren identifizierten Polypeptide, die an die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen binden, sind auch Gegenstand der Erfindung.

25 Ebenso können die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen in einem Phage Display Verfahren verwendet werden.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID Nos. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Endometriumtumor verwendet werden, was ebenfalls
30 Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Endometriumtumor verwendet werden können.
35

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen den Uterustumor, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Uterustumor.
40

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635 enthalten.
45

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomisch oder mRNA-Sequenzen sein.

50 Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis

Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

- 5 Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID No. 1-141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen
- 10 hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer
- 15 eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bezeichnungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

5	Nukleinsäuren=	Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
	ORF =	Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
10	Contig =	eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)
	Singleton=	ein Contig, der nur eine Sequenz enthält
15	Modul =	Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
20	N =	wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
	X =	wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

Erklärung zu den Alignmentparametern

25	minimal initial match=	minimaler anfänglicher Identitätsbereich
	maximum pads per read=	maximale Anzahl von Insertionen
30	maximum percent mismatch=	maximale Abweichung in %

Erklärung der Abbildungen

35	Fig. 1	zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
	Fig. 2a	zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
40	Fig. 2b1-2b4	zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
	Fig. 3	zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
45	Fig. 4a	zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
	Fig. 4b	zeigt den elektronischen Northern
50	Fig. 5	zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

30 Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Uterusgewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

B ispi 12

5 Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

10

2.1 Elektronischer Northern-Blot

15 Zu einer partiellen DNA-Sequenz *S*, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in
20 verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebespezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz *S* werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

25

2.1.1

30 Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 136 gefunden, die 15,6 .x stärker im Endometriumtumor als im Normalgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 136

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0102	0.0038	2.7221	0.3674
	Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0090	0.0078	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0150	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0059	0.0031	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0114	0.0041	2.7942	0.3579
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0120	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0104	0.2878	3.4745
	Endokrines Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0031	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
35	Zervix	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
40	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
50	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
60	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
65	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.3166	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0281	0.2774	3.6055
	Brust	0.0090	0.0188	0.4764	2.0992
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0176	0.4852	2.0611
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0118	0.0123	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0073	0.0020	3.5562	0.2812
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0240	0.1428	7.0040
20	Niere	0.0136	0.0274	0.4956	2.0176
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0149	0.7312	1.3677
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1583	0.0427	23.4317
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0272	0.2806	3.5642
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0278	
	Gastrointestinal	0.0194	
	Gehirn	0.0063	
40	Haematopoetisch	0.0157	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0107	
	Lunge	0.0145	
45	Nebenniere	0.0254	
	Niere	0.0124	
	Placenta	0.0121	
	Prostata	0.0249	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0272	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0203	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0076	
	Gastrointestinal	0.0000	
60	Haematopoetisch	0.0114	
	Haut-Muskel	0.0194	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0164	
	Nerven	0.0120	
65	Prostata	0.0137	
	Sinnesorgane	0.0155	
	Uterus_n	0.0083	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0021	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0015	0.0021	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0053	0.0137	0.3855	2.5941
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0759			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0156	0.0077	2.0339	0.4917
	Brust 0.0051	0.0075	0.6805	1.4694
	Duennndarm 0.0123	0.0331	0.3707	2.6973
	Eierstock 0.0120	0.0104	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe 0.0085	0.0075	1.1321	0.8833
10	Gastrointestinal 0.0096	0.0278	0.3451	2.8974
	Gehirn 0.0133	0.0164	0.8100	1.2346
	Haematopoetisch 0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0170	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge 0.0197	0.0164	1.2066	0.8288
	Magen-Speiserohre 0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0180	0.1904	5.2530
20	Niere 0.0054	0.0274	0.1983	5.0439
	Pankreas 0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis 0.0240	0.0267	0.8985	1.1129
	Prostata 0.0044	0.0192	0.2275	4.3961
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0229	0.0272	0.8417	1.1881
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0192			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0089			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0104			
	Zervix 0.0106			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0139			
	Gastrointestinal 0.0250			
	Gehirn 0.0063			
40	Haematopoetisch 0.0157			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0260			
	Herz-Blutgefuesse 0.0178			
	Lunge 0.0036			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0121			
	Prostata 0.0000			
50	Sinnesorgane 0.0251			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0136			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0354			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0245			
	Gastrointestinal 0.0244			
60	Haematopoetisch 0.0228			
	Haut-Muskel 0.0551			
	Hoden 0.0386			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0181			
65	Prostata 0.0068			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
10	Endokrines Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0037	0.0092	0.4000	2.5001
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0043	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Samenblase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0118	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	undef	undef
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
40	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079	0.0000	0.0000	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Lunge	0.0108	0.0000	0.0000	0.0000
	Nebenniere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
50	Placenta	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
		0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068	0.0000	0.0000	0.0000
	Eierstock_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
60	Eierstock_t	0.0203	0.0000	0.0000	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Foetal	0.0047	0.0000	0.0000	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
65	Haematopoetisch	0.0057	0.0000	0.0000	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
65	Nerven	0.0050	0.0000	0.0000	0.0000
	Prostata	0.0137	0.0000	0.0000	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Uterus_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
50	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0090		0.0188		0.4764	2.0992
	Duenndarm	0.0153		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051		0.0050		1.0189	0.9815
	Gastrointestinal	0.0038		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0115		0.0117		0.9839	1.0163
20	Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Pankreas	0.0066		0.0055		1.1966	0.8357
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0131		0.0213		0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1583		0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032					
	Prostata-Hyperplasie	0.0178					
35	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017					
	Zervix	0.0106					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
40	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0028					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
45	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
50	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
55	Sinnesorgane	0.0000					
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
60	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
65	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0154					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0000					
70	Prostata	0.0342					
	Sinnesorgane	0.0000					
75	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
	Samenblase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
35	Zervix	0.0000	0.0000	undef	undef
40					
45					
50					
55					
60					
65					

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

	%Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0051
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0035
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0057
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0030
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0201	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0081	0.0072	1.1314	0.8839
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1583	0.0427	23.4317
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0153	0.0188	0.8166	1.2245
	Duenn darm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0182	0.4934	2.0268
	Endokrines_Gewebe	0.0187	0.0100	1.8679	0.5354
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0324	0.5917	1.6901
	Gehirn	0.0067	0.0205	0.3240	3.0866
	Haematopoetisch	0.0147	0.0379	0.3882	2.5762
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0323	0.4412	2.2666
15	Herz	0.0148	0.0275	0.5397	1.8529
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0156	0.0102	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0307	0.9454	1.0578
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0120	1.2850	0.7782
20	Niere	0.0407	0.0068	5.9478	0.1681
	Pankreas	0.0132	0.0110	1.1966	0.8357
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0153	0.0085	1.7913	0.5582
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0165			
	Zervix	0.0319			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0393			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0476			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.1114			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0175			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0292			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0111	0.0031	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0256	0.3051	3.2777
	Brust	0.0090	0.0113	0.7939	1.2595
	Duenndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0286	0.3140	3.1849
	Endokrines_Gewebe	0.0255	0.0050	5.0944	0.1963
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0185	0.5177	1.9316
	Gehirn	0.0044	0.0082	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0134	0.0379	0.3529	2.8338
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0285	0.0194	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0042	0.0275	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0083	0.0184	0.4516	2.2144
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0109	0.0274	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0060	0.0533	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0262	0.0192	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1583	0.0427	23.4317
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0297			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0389			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0458			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0102	1.9068	0.5244
	Brust	0.0115	0.0132	0.8750	1.1429
	Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0125	0.9509	1.0516
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0096	0.0041	2.3399	0.4274
	Haematopoetisch	0.0080	0.0379	0.2117	4.7230
	Haut	0.0330	0.2542	0.1300	7.6946
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0127	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0468	0.2460	4.0652
	Lunge	0.0052	0.0082	0.6350	1.5747
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0087	0.0106	0.8189	1.2211
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0458	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.2111	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0000		0.0000		undef	undef
	Duenndarm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1055		0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
35	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009					
	Zervix	0.0000					
40	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
45	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
55	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
65	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
70	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
75	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0075	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0104	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0125	0.8151	1.2268
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0093	1.8638	0.5365
	Gehirn	0.0052	0.0010	5.0397	0.1984
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0201	0.0412	0.4883	2.0480
	Hoden	0.0288	0.0234	1.2299	0.8130
	Lunge	0.0114	0.0184	0.6209	1.6105
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4759	2.1012
20	Niere	0.0217	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0149	0.0221	0.6731	1.4857
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0170	0.3839	2.6051
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0041	0.1800	5.5559
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0137	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0205	0.0000	undef
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0064	0.0019	3.4026	0.2939
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0118	0.0031	3.8398	0.2604
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0109	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0085	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0377			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0111			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
75	Nerven	0.0080			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0185	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0037	0.0031	1.1999	0.8334
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0041	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0136	0.0068	1.9826	0.5044
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0954	0.1067	9.3678
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0140			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0680			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0125	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0041	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0232			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0051		0.0000	undef
	Brust	0.0153		0.0094		1.6333	0.6123
	Duenn darm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0030		0.0130		0.2303	4.3431
10	Endokrines_Gewebe	0.0034		0.0025		1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0019		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Haut	0.0184		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048		0.0000		undef	0.0000
	Herz	0.0074		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Lunge	0.0000		0.0020		0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086		0.0060		1.4278	0.7004
	Niere	0.0027		0.0000		undef	0.0000
25	Pankreas	0.0033		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068		0.1055		0.0640	15.6211
30	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0256					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
35	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009					
	Zervix	0.0000					
40	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0028					
45	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0520					
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0062					
55	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0204					
	Eierstock_n	0.0000					
65	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0105					
	Gastrointestinal	0.0000					
70	Haematopoetisch	0.0171					
	Haut-Muskel	0.0162					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
75	Nerven	0.0060					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0167					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0061	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0085	0.2559	3.9077
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
40					
45					
50					
55					
60					
65					

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
60	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
65	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0167

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0013	0.0056	0.2268	4.4083
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0037	0.0041	0.8999	1.1112
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0068	0.0050	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0041	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2639	0.0256	39.0528
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0010	0.0082	0.1270	7.8735
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0081	0.0479	0.1699	5.8845
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2639	0.0256	39.0528
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0340			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
75	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
40	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
45	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
50	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
60	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
65	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
40	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
45	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
50	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
55	Sinnesorgane	0.0000			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
60	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
65	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
40	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
45	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
50	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0404	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0020	3.5562	0.2812
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0269	0.1066	0.2527	3.9571
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0026		0.0000	undef
	Brust	0.0000		0.0019		0.0000	undef
	Duenndarm	0.0184		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0030		0.0156		0.1919	5.2117
10	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gastrointestinal	0.0096		0.0231		0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0065		0.0000	undef
	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Lunge	0.0010		0.0000		undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0077		0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
	Niere	0.0027		0.0068		0.3965	2.5219
25	Pankreas	0.0083		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0022		0.0106		0.2047	4.8846
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1055		0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064					
	Prostata-Hyperplasie	0.0089					
35	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
40	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0139					
	Gastrointestinal	0.0000					
45	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0072					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
55	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
65	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0047					
	Gastrointestinal	0.0000					
70	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0082					
75	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0077	2.0339	0.4917
	Brust	0.0051	0.0113	0.4537	2.2042
	Duenndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0251	0.5434	1.8403
	Gastrointestinal	0.0153	0.0185	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0118	0.0041	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0129	0.7353	1.3600
	Herz	0.0064	0.0275	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
20	Lunge	0.0187	0.0164	1.1431	0.8748
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
	Niere	0.0081	0.0205	0.3965	2.5219
25	Pankreas	0.0182	0.0055	3.2906	0.3039
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0131	0.0213	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1583	0.0854	11.7158
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0199			
	Zervix	0.0106			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0126			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0399			
	Haut-Muskel	0.0454			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0082			
75	Nerven	0.0301			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0102	0.0226	0.4537	2.2042
	Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3838	2.6058
10	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0150	0.9057	1.1042
	Gastrointestinal	0.0153	0.0046	3.3134	0.3018
	Gehirn	0.0074	0.0103	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0379	0.1412	7.0845
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0143	0.0129	1.1029	0.9067
	Herz	0.0074	0.0137	0.5397	1.8529
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0125	0.0164	0.7621	1.3122
20	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5700	0.3891
	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0083	0.0276	0.2991	3.3428
	Penis	0.0150	0.0533	0.2808	3.5614
25	Prostata	0.0196	0.0149	1.3161	0.7598
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0706			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0251			
	Zervix	0.0106			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
40	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0125
45	Haematopoetisch	0.0118
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0217
	Nebenniere	0.0254
55	Niere	0.0185
	Placenta	0.0303
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
60	Brust	0.0272
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0557
65	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0402
	Gastrointestinal	0.0610
70	Haematopoetisch	0.0342
	Haut-Muskel	0.0486
	Hoden	0.0309
75	Lunge	0.0328
	Nerven	0.0100
	Prostata	0.0274
80	Sinnesorgane	0.0310
	Uterus_n	0.0291

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000		
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
40	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
45	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
50	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
60	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
65	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0013	0.0094	0.1361	7.3472
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0100	0.1698	5.8889
	Gastrointestinal	0.0134	0.0093	1.4496	0.6898
	Gehirn	0.0052	0.0062	0.8400	1.1905
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0412	0.1285	7.7824
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
20	Lunge	0.0052	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
25	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0085	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0204	0.7482	1.3366
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
65	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
70	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
75	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
80	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.2111	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0030	0.0000	undef	undef
35	Samenblase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	undef	undef
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
45	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Nebenniere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
55	Placenta	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock_n	0.0000	0.0000	undef	undef
65	Eierstock_t	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Foetal	0.0006	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
70	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
75	Nerven	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_n	0.0000	0.0000	undef	undef

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0125	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0031	0.4800	2.0835
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0441	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0106	0.2047	4.8846
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
40		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
60		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0022	0.0041	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0087	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0028	
	Gehirn	0.0000	
40	Haematopoetisch	0.0039	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0036	
	Lunge	0.0036	
45	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0062	
	Placenta	0.0061	
	Prostata	0.0000	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0017	
	Gastrointestinal	0.0000	
60	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0032	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0030	
65	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0042	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0128	0.9153	1.0926
	Brust	0.0051	0.0132	0.3889	2.5715
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0102	0.0125	0.8151	1.2268
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0046	2.8992	0.3449
	Gehirn	0.0103	0.0113	0.9163	1.0913
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0234	0.7380	1.3551
	Lunge	0.0145	0.0123	1.1854	0.8436
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0190	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0085	0.2559	3.9077
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0366			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0038	0.0075	0.5104	1.9593
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0077	0.0185	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
20	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0109	0.0085	1.2795	0.7815
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.1908	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
40		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0281	0.0226	1.2476	0.8015
	Duennndarm	0.0307	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0324	0.4733	2.1127
	Gehirn	0.0044	0.0072	0.6171	1.6205
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0061	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0180	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0217	0.0068	3.1722	0.3152
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0476			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0102	1.5254	0.6555
	Brust	0.0115	0.0207	0.5568	1.7960
	Duennndarm	0.0215	0.0165	1.2976	0.7707
	Eierstock	0.0240	0.0260	0.9210	1.0858
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0176	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0139	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0170	0.0246	0.6900	1.4494
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0238	0.0194	1.2255	0.8160
15	Herz	0.0180	0.0275	0.6553	1.5260
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0156	0.0164	0.9526	1.0498
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
20	Niere	0.0081	0.0411	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0116	0.0055	2.0940	0.4775
	Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0131	0.0043	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0426			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0211			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0056	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0072	0.8228	1.2153
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
20	Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0276	0.1197	8.3571
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0170	0.8957	1.1165
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust	0.0038	0.0094	0.4083	2.4491
	Duenndarm	0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0150	0.0208	0.7195	1.3898
10	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0100	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0230	0.0046	4.9700	0.2012
	Gehirn	0.0096	0.0082	1.1699	0.8547
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0052	0.0041	1.2701	0.7873
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0077	5.0421	0.1983
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3347
	Niere	0.0081	0.0274	0.2974	3.3626
25	Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479	1.3371
	Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2111	0.0320	31.2422
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0256			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0236			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0356			
	Lunge	0.0289			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0628			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.1595			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0100			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0244	0.0137	1.7843	0.5604
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0038	0.0188	0.2042	4.8982
	Duenndarm	0.0153	0.0331	0.4634	2.1579
	Eierstock	0.0120	0.0208	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0125	1.0868	0.9201
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0041	1.2599	0.7937
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0847	0.0000	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0194	0.4902	2.0400
15	Herz	0.0307	0.0275	1.1179	0.8945
	Hoden	0.0000	0.0351	0.0000	undef
	Lunge	0.0042	0.0286	0.1452	6.8893
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3347
20	Niere	0.0054	0.0137	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0116	0.0110	1.0470	0.9551
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0106	0.4095	2.4423
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1583	0.0854	11.7158
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0102	0.1908	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.0194			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0748			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0105			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0421			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	0.1055	0.0000	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0030	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Samenblase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
45	Nebenniere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Placenta	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Eierstock_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Eierstock_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Foetal	0.0006	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
60	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Nerven	0.0010	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
65	Uterus_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 71

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0056	0.9074	1.1021
	Duennndarm	0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0182	0.3289	3.0402
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0728	0.0185	3.9346	0.2542
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0259	0.1838	5.4400
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0114	0.0061	1.8628	0.5368
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0608			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2111	0.0320	31.2422
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0309			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0366			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 73

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0021	0.0061	0.3387	2.9526
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0063
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0072
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0136
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
65	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust	0.0051	0.0075	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0125	0.9509	1.0516
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0059	0.0051	1.1519	0.8681
	Haematopoetisch	0.0187	0.0379	0.4940	2.0241
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0073	0.0041	1.7781	0.5624
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.2513			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 75

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0090	0.0078	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0231	0.0828	12.0723
	Gehirn	0.0089	0.0031	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0061	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.2111	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 77

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 78

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 79

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 80

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 81

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 82

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0077	0.0150	0.5104	1.9593
	Duenn darm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0208	0.4317	2.3163
	Endokrines Gewebe	0.0068	0.0150	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0268	0.0231	1.1597	0.8623
	Gehirn	0.0081	0.0123	0.6600	1.5152
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0011	0.0412	0.0257	38.9118
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0123	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0166	0.2991	3.3428
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0305	0.0554	0.5512	1.8143
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0131			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 83

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 84

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0000		0.0019		0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0022		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1055		0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
35							
40							
45							
50							
55							
60							
65							

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

	%Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0006
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 85

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 86

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 87

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0204	0.1907	5.2444
	Brust	0.0128	0.0075	1.7013	0.5878
	Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3838	2.6058
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0139	0.2761	3.6217
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0149	0.2925	3.4192
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 88

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0010	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 89

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	0.0055	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	0.1583	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	0.0068	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
35	Samenblase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
40	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0278	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0028	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
45	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Nebenniere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
55	Placenta	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0068	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
65	Eierstock_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Foetal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
70	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
75	Nerven	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_n	0.0042	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
50	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 91

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0090	0.0038	2.3818	0.4198
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0021	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0847	0.1300	7.6946
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0111
	Gehirn	0.0063
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0108
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0249
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0050
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0125

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 92

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 93

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 94

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duendarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.2513			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 95

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 96

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.1055	0.0000	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
35	Samenblase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
40	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
45	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Nebenniere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
55	Placenta	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
65	Eierstock_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Foetal	0.0029	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
70	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
75	Nerven	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0068	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 97

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 98

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	0.0026	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
	Duendarm	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686		
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef		
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000		
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000		
	Haut	0.0330	0.0000	undef	0.0000		
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef		
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef		
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef		
	Penis	0.0000	0.0533	0.0000	undef		
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769		
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef		
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Brust-Hyperplasie	0.0064					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0063					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
60	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0030					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0083					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 99

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 100

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 101

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
45	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
50	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
55	Sinnesorgane	0.0000			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
60	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
65	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
70	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
75	Uterus_n	0.0000			

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

	%Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0000
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 102

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 103

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0021	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointental	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 104

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 105

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0090	0.0038	2.3818	0.4198
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0021	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0847	0.1300	7.6946
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	_Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 106

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 107

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 108

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duenn darm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0062	0.6000	1.6668
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
30	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0126			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
75	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 109

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 110

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0000		0.0000		undef	undef
	Duennndarm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1583		0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
35	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
40	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
45	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
55	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
		0.0000					
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
65	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
70	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
75	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0068					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 111

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0051		0.0000		undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0000		0.0052		0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017		0.0000		undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0022		0.0021		1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0027		0.0000		undef	0.0000
15	Haut	0.0037		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Lunge	0.0010		0.0041		0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034		0.0060		0.5711	1.7510
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Pankreas	0.0017		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0022		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1583		0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0076		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032					
	Prostata-Hyperplasie	0.0089					
35	Samenblase	0.0089					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0106					
40	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
45	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0039					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
55	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
		0.0000					
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
65	Eierstock_t	0.0051					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0070					
	Gastrointestinal	0.0000					
70	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0231					
	Lunge	0.0164					
75	Nerven	0.0050					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0125					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 112

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
50	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 113

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0062	0.6000	1.6668
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
30	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0126			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
75	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 114

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0095	0.0412	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0164	0.1905	5.2490
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0180	0.3807	2.6265
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2111	0.0320	31.2422
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0204	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0356			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 115

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
35	Samenblase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	undef	undef
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
45	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Nebenniere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
55	Placenta	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock_n	0.0000	0.0000	undef	undef
65	Eierstock_t	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Foetal	0.0017	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
70	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
75	Nerven	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_n	0.0000	0.0000	undef	undef

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 116

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0128	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0050	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0037	0.0051	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0042	0.0137	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
25	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0106			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
65	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0228			
70	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
75	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
80	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 117

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0038	0.0094	0.4083	2.4491
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0128	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0456			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 118

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 119

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0041	0.1800	5.5559
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0110			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 120

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0077	2.5424	0.3933
	Brust	0.0090	0.0075	1.1909	0.8397
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434	1.8403
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0059	0.0031	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0027	0.0758	0.0353	28.3379
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 121

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	0.1055	0.0000	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0030	0.0000	undef	undef
35	Samenblase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
40	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
45	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Nebenniere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
55	Placenta	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
65	Eierstock_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Foetal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
70	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
75	Nerven	0.0010	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 122

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0230	1.0170	0.9833		
	Brust	0.0269	0.0207	1.2992	0.7697		
	Duennndarm	0.0061	0.0662	0.0927	10.7893		
	Eierstock	0.0150	0.0572	0.2616	3.8219		
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0100	0.8491	1.1778		
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0463	0.2899	3.4492		
	Gehirn	0.0015	0.0092	0.1600	6.2504		
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000		
	Haut	0.0551	0.0000	undef	0.0000		
	Hepatisch	0.0143	0.0388	0.3676	2.7200		
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000		
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326		
	Lunge	0.0073	0.0286	0.2540	3.9367		
	Magen-Speiserohre	0.0966	0.0077	12.6053	0.0793		
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef		
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610		
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143		
	Penis	0.0329	0.1600	0.2059	4.8565		
	Prostata	0.0087	0.0043	2.0473	0.4885		
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef		
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Brust-Hyperplasie	0.0128					
	Prostata-Hyperplasie	0.0149					
	Samenblase	0.0178					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017					
	Zervix	0.0532					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0417					
	Gastrointestinal	0.0056					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0071					
	Lunge	0.0036					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0062					
	Placenta	0.0121					
	Prostata	0.0249					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0136					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0101					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0146					
	Gastrointestinal	0.0366					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0032					
60	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0573					
	Nerven	0.0040					
	Prostata	0.0205					
	Sinnesorgane	0.0077					
65	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 123

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 124

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0010	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 125

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0077	2.5424	0.3933
	Brust	0.0064	0.0075	0.8507	1.1756
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0226	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0081	0.0092	0.8800	1.1364
	Haematopoetisch	0.0067	0.0379	0.1764	5.6676
15	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0083	0.0102	0.8129	1.2302
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0180	0.5711	1.7510
	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
25	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0064	2.3885	0.4187
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
30	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0136	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0122			
70	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
75	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0342			
	Sinnesorgane	0.0387			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 126

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 127

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0486	0.6423	1.5569
	Brust	0.0192	0.0282	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0399	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0364	0.5756	1.7372
10	Endokrines_Gewebe	0.0290	0.0326	0.8882	1.1258
	Gastrointestinal	0.0460	0.0231	1.9880	0.5030
	Gehirn	0.0532	0.0575	0.9257	1.0803
	Haematopoetisch	0.0348	0.0379	0.9175	1.0899
15	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0647	0.0735	13.5999
	Herz	0.0699	0.0412	1.6961	0.5896
	Hoden	0.0288	0.4210	0.0683	14.6349
20	Lunge	0.0343	0.0368	0.9314	1.0737
	Magen-Speiserohre	0.0773	0.0230	3.3614	0.2975
	Muskel-Skelett	0.0497	0.0660	0.7528	1.3283
	Niere	0.0353	0.1575	0.2241	4.4619
25	Pankreas	0.0165	0.0939	0.1760	5.6828
	Penis	0.0299	0.0267	1.1232	0.8903
	Prostata	0.0196	0.0298	0.6580	1.5197
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.1583	0.1707	5.8579
30	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0679	0.3367	2.9702
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0505			
35	Samenblase	0.0890			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0399			
	Zervix	0.0319			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0417			
	Gastrointestinal	0.0333			
45	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0197			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0783			
	Lunge	0.0217			
	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0309			
55	Placenta	0.0727			
	Prostata	0.0997			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0244			
70	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
75	Nerven	0.0141			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 128

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duendarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 129

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
25	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
35	Samenblase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	undef	undef
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0028	0.0000	undef	undef
45	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0036	0.0000	undef	undef
	Nebenniere	0.0254	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
55	Placenta	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock_n	0.0000	0.0000	undef	undef
65	Eierstock_t	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Foetal	0.0006	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
70	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0077	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
75	Nerven	0.0010	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0068	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_n	0.0000	0.0000	undef	undef

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 130

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 131

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust 0.0115	0.0169	0.6805	1.4694
	Duennndarm 0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock 0.0060	0.0260	0.2303	4.3431
	Endokrines_Gewebe 0.0153	0.0176	0.8733	1.1451
10	Gastrointestinal 0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn 0.0074	0.0092	0.8000	1.2501
	Haematopoetisch 0.0080	0.0758	0.1059	9.4460
	Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz 0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0058	0.0234	0.2460	4.0652
	Lunge 0.0114	0.0164	0.6985	1.4315
	Magen-Speiserohre 0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett 0.0051	0.0120	0.4283	2.3347
20	Niere 0.0136	0.0137	0.9913	1.0088
	Pankreas 0.0066	0.0110	0.5983	1.6714
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0065	0.0128	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0096			
	Prostata-Hyperplasie 0.0089			
	Samenblase 0.0089			
30	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0139			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0079			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0260			
	Herz-Blutgefuesse 0.0107			
	Lunge 0.0108			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0062			
	Placenta 0.0424			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
50				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0204			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0051			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0099			
	Gastrointestinal 0.0244			
60	Haematopoetisch 0.0057			
	Haut-Muskel 0.0259			
	Hoden 0.0077			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0090			
65	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 132

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0000		0.0000		undef	undef
	Duennndarm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0025		0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013		0.0000		undef	0.0000
15	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0011		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0058		0.0000		undef	0.0000
20	Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Pankreas	0.0017		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0022		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1055		0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
35	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
40	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0139					
	Gastrointestinal	0.0000					
45	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
55	Placenta	0.0061					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
65	Eierstock_t	0.0051					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0006					
	Gastrointestinal	0.0000					
70	Haematopoetisch	0.0057					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
75	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 133

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0141	0.0150	0.9357	1.0687
	Duenndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0104	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0176	0.5822	1.7176
	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0052	0.0072	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0234	0.2460	4.0652
20	Lunge	0.0104	0.0204	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0240	0.3569	2.8016
	Niere	0.0244	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0153	0.0149	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.2111	0.1280	7.8106
30	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0136	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0327			
35	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0319			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0305			
45	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0253			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0309			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0122			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
75	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 134

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0383	0.7119	1.4047
	Brust	0.0141	0.0244	0.5758	1.7366
	Duenn darm	0.0245	0.0331	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0120	0.0312	0.3838	2.6058
	Endokrines_Gewebe	0.0290	0.0201	1.4434	0.6928
10	Gastrointestinal	0.0287	0.0278	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0133	0.0298	0.4469	2.2378
	Haematopoetisch	0.0281	0.0379	0.7411	1.3494
	Haut	0.0073	0.0847	0.0866	11.5419
	Hepatisch	0.0381	0.0259	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0191	0.1512	0.1262	7.9265
	Hoden	0.0173	0.0702	0.2460	4.0652
	Lunge	0.0447	0.0470	0.9498	1.0528
	Magen-Speiserohre	0.0773	0.0153	5.0421	0.1983
	Muskel-Skelett	0.0668	0.0420	1.5909	0.6286
20	Niere	0.0190	0.0342	0.5551	1.8014
	Pankreas	0.0066	0.0331	0.1994	5.0142
	Penis	0.0150	0.1600	0.0936	10.6842
	Prostata	0.0196	0.0149	1.3161	0.7598
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0204	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1240			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0408			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0169			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0454			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 135

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0390	0.0383	1.0170	0.9833
	Brust	0.0102	0.0301	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0429	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0156	0.1919	5.2117
	Endokrines_Gewebe	0.0358	0.0351	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0278	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0148	0.0226	0.6545	1.5279
	Haematopoetisch	0.0227	0.2273	0.1000	10.0016
	Haut	0.0367	0.1695	0.2166	4.6168
	Hepatisch	0.0285	0.0582	0.4902	2.0400
15	Herz	0.0445	0.0687	0.6476	1.5441
	Hoden	0.0173	0.0234	0.7380	1.3551
	Lunge	0.0291	0.0470	0.6185	1.6169
	Magen-Speiserohre	0.0580	0.0153	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett	0.0685	0.0840	0.8159	1.2257
20	Niere	0.0244	0.0685	0.3569	2.8022
	Pankreas	0.0116	0.0607	0.1904	5.2530
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0064	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.6332	0.0213	46.8633
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0408	0.1870	5.3463
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0867			
	Zervix	0.0639			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0167
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0236
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0182
	Prostata	0.0997
	Sinnesorgane	0.0000
50		

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
60	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0035
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
65	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0464
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 136

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0102	0.0038	2.7221	0.3674
	Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0090	0.0078	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0150	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0059	0.0031	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0114	0.0041	2.7942	0.3579
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0120	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 137

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 138

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0051	3.0509	0.3278
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0331	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
	Gastrointestinal	0.0077	0.0139	0.5522	1.8109
	Gehirn	0.0059	0.0062	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
	Herz	0.0085	0.0275	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
20	Lunge	0.0062	0.0143	0.4355	2.2964
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0033	0.0276	0.1197	8.3571
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
40	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0118
45	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0108
50	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0242
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0272
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0253
	Endokrines_Gewebe	0.0000
60	Foetal	0.0151
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0356
65	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0090
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0042

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 139

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0056	0.2268	4.4083
	Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0120	0.0052	2.3025	0.4343
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0077	0.0046	1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0275	0.0000	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
45	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0244			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
75	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 140

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0051	0.0094	0.5444	1.8368
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0100	0.8491	1.1778
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0042	0.0020	2.0321	0.4921
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0116			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 141

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0064	0.0150	0.4253	2.3511
	Duenndarm	0.0000	0.0496	0.0000	undef
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0050	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0052	0.0051	1.0079	0.9921
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0083	0.0061	1.3548	0.7381
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000		
	Samenblase	0.0000	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0000	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087	0.0000		
	Zervix	0.0000	0.0000		
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

2.2 Fisher-Test

- 5 Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.
- 10 Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

15

Beispiel 3

20 Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

- 25 1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
- 30 3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen
- 35 Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese
- 40 Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_j (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_j > C_{j-1}$; Abbruchkriterium II).
- 45 Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.
- 50 Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterustumorgewebe gefunden werden.

5 Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

10

Beispiel 4

Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

15 Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden
20 menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum
25 gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview" -Programms der Genome Database (GDB), (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt.

Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf
30 diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur
35 angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

40

Legende zu den Modulen:

Pfam: Protein families database of alignments and HMMs (pfam@sanger.ac.uk)

PROSITE: The PROSITE database, its status in 1999. Nucleic Acids Res. 27: 215-219 (<http://www.expasy.ch/sprot/prosite.html>)

5 TABELLE I

Sequenz ID No.:	Expression im Endometrium-Tumor:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
1	erhöht	unbekannt		1046	2p24-2p21	D2S174-D2S390
2	erhöht	Mouse mammary tumor virus proviral envelope gene Polymerase protein	2x "CSD"	373		
3	erhöht	Homolog zu Human protein kinase C-binding protein RACK17		1571	1q32.1	D1S477-D1S504
4	erhöht	Homolog zu Human mRNA for KIAA0079		1789	10q21.3-q22.2	D10S537-D10S218
5	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid T23B12	"BTB"	2361		
6	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid C01A2		1638	20q13.32-q13.33	D20S100-D20S173
7	erhöht	unbekannt		1034	12q12	D12S1589-D12S85
8	erhöht	unbekannt		947	17p11.2-p12	AFMa126yd5
9	erhöht	unbekannt		497		
10	erhöht	unbekannt		269		
11	erhöht	unbekannt		1717		
12	erhöht	unbekannt	"zf-C3HC4"	1419		
13	erhöht	unbekannt		671	2q37.3	D2S2704
14	erhöht	unbekannt		524		
15	erhöht	unbekannt		345		
16	erhöht	rGSTK1-1=glutathione S-transferase subunit 13		1060	7q33-7q36.1	WI-9353
17	erhöht	Rattus norvegicus neuritin		1721	6p23-p25.1	D6S1617-D6S1674
18	erhöht	Rattus norvegicus cytosolic NADP-dependent isocitrate dehydrogenase	"isodh"	2367	2q34	WI-1247
19	erhöht	Rat unr mRNA for unr protein with unknown function	2x "CSD"	1321	1p13.3-1q11	D1S418-D1S252
20	erhöht	Rat prostatic binding protein polypeptide c1		384		
21	erhöht	Rat GTP-binding protein (ral B)		367		
22	erhöht	R.norvegicus mRNA for TRAP-complex gamma subunit		2621	3q24-q25.2	D3S1570
23	erhöht	P.sativum mRNA for Cop1 protein	2x "G-beta"	2019	1q23.3-q24.3	D1S242-D1S416
24	erhöht	P.falciptarum pfmdr1 gene		1866	18q12.1-q12.3	AFM164ya9
25	erhöht	ORF 5' of ECLF2...ECRF3=G protein-coupled receptor homolog		1189		

Sequenz ID No.:	Expression im Endometrium-Tumor:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
26	erhöht	O. cuniculus lambda-crystallin mRNA	"3HCDH"	1418		
27	erhöht	Mus musculus flotillin		814		
28	erhöht	Mouse glycerol-3-phosphate acyltransferase		3039	10q25.1-q25.2	D10S1465
29	erhöht	Mouse clathrin-associated protein (AP47)	"Adap_comp_sub"	1448		
30	erhöht	Lycopersicon esculentum biotin-containing subunit of methylcrotonyl-CoA carboxylase	"CPSase_L_chain", "biotin_req_enzy"	1394		
31	erhöht	Leucine aminopeptidase, bovine	"Peptidase_M17"	734		
32	erhöht	Klebsiella pneumoniae possible RNA helicase (dead)	2x "DEAD"	692		
33	erhöht	Human mammaglobin Homolog	"Uteroglobulin"	517		
34	erhöht	Human DNA sequence from PAC 138A5 on chromosome X		322		
35	erhöht	Human DNA sequence from clone 230G1		1559		
36	erhöht	Human DNA sequence from clone 217C2		1072		
37	erhöht	Human Cosmid Clone 26a1	"RhoGAP"	454	22.q11.21-q11.23	D22S420-D22S446
38	erhöht	Homolog zu Human chromosome 3p21.1 gene sequence		700	3p21.1	
39	erhöht	Homo sapiens DNA from chromosome 19-cosmid f21246		914		
40	erhöht	H. sapiens mRNA for Ptg-1 protein		1669	17q21.31-q21.33	D17S791-D17S797
41	erhöht	H. sapiens CpG island DNA genomic Mse1 fragment		355		
42	erhöht	H. sapiens (TL5) mRNA from LNCaP cell line		2628	3q24	D3S3413
43	erhöht	Genomic sequence from Human 9q34		2535	9q34.11-q34.13	D9S179-D9S164
44	erhöht	Drosophila melanogaster misato gene	"MYB 3"	805	1q21.2	D1S305-D1S506
45	erhöht	Chicken mRNA for vitellogenin I		1279		
46	erhöht	Caenorhabditis elegans DNA from clone F31D4		1923		
47	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid ZK863		706		
48	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid ZK863		749		
49	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid ZK596		857	10q26.13	D10S212
50	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid T26A5		268		
51	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid T21G5		297		
52	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid F56D5		590		
53	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid F25D7		1714		
54	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid F08C6		1340		
55	erhöht	C. botulinum bont (partial) and ntth genes		765	3q24-q23	D3S3409

Sequenz ID No.:	Expression im Endometrium-Tumor:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
56	erhöht	Bovine mRNA fragment for 49 kDa subunit of mitochondrial NADH:ubiquinone oxidoreductase (EC 1.6.5.3)	"complex1_4 9Kd"	1647		
57	erhöht	Bos taurus (clone pTKD7) dopamine and cyclic AMP-regulated neuronal phosphoprotein (DARPP-32)		1166		
58	erhöht	A. thaliana mRNA for RNA helicase		487		
59	erhöht	A. thaliana glycine-rich protein (clone atGRP-4)		1630	5q23.3-q31.1	D5S396-D5S2119
60	erhöht	Saccharomyces cerevisiae Grd19p (GRD19)	2x "PX"; "BEM_DOM AIN"	1272	6q21	AFMa191wd1
61	erhöht	Saccharomyces cerevisiae chromosome XII cosmid 9328	2x "DEAD"; "helicase_C"	1914	7p12.3-p13	D7S667-D7S2427
62	erhöht	S.pombe chromosome I cosmid c13D6		608		
63		Rattus norvegicus RNA helicase with arginine-serine-rich domain		2674	17q21.31-q22	D17S797-D17S788
64		Rattus norvegicus matritysin (MMP-7) mRNA		326		
65		Rattus norvegicus Diphor-1	2x "PDZ"	888	1q12	D1S2669-D1S498
66		Human herpesvirus-7 (HHV7) J1, G protein-coupled receptor (GCR)		202		
67		Homolog zu Human synapsin I (SYN1)		1225	1p22.3-p31.1	WI-3099
68		Homolog zu Human PAX3 gene		1093		
69		Homolog zu Human multiple exostosis 2 (EXT2)		309	1p21.3-p22.1	D1S2166
70		Homolog zu Homo sapiens integrin variant beta4E (ITGB4)		380		
71		Homolog zu Homo sapiens hCPE-R mRNA for CPE-receptor		1253		
72		Homolog zu H.sapiens mRNA for deoxyguanosine kinase		439		
73		Caenorhabditis elegans cosmid Y48E1B		1252	4p11-q12	D4S1619-D4S1600
74		Caenorhabditis elegans cosmid T21D12	"WW DO-MAIN 2"	695		
75		Caenorhabditis elegans cosmid R107		2514	13q33.3-q34	D13S261-D13S293
76		Caenorhabditis elegans cosmid M04C9		274		
77		Bovine opsin	"7tm_1"	449		
78		unbekannt		346		
79		unbekannt		1329		
80		unbekannt		805		

Sequenz ID No.:	Expression im Endometrium-Tumor:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
81		unbekannt		420		
82		unbekannt		2143	9q21.32-q22.1	D9S264-D9S257
83		unbekannt		450		
84		unbekannt		408	17q23.1-q23.2	D17S1680
85		unbekannt		311		
86		unbekannt		487		
87		unbekannt		1902	11p12-p13	WI-6150
88		unbekannt		1048	1q42.11-q43	WI-9317
89		unbekannt		804		
90		unbekannt		581		
91		unbekannt		2042		
92		unbekannt		430		
93		unbekannt		592		
94		unbekannt		674		
95		unbekannt		324		
96		unbekannt		709	5p15.33	D5S1954
97		unbekannt		562		
98		unbekannt		1948	16p13.2-p12.3	D16S499
99		unbekannt		483		
100		unbekannt		437		
101		unbekannt		359		
102		unbekannt		501		
103		unbekannt		1102	1q23.1-q23.2	D1S445-D1S431
104		unbekannt		306		
105		unbekannt		2042		
106		unbekannt		320		
107		unbekannt		506		
108		unbekannt		1276		
109		unbekannt		373		
110		unbekannt	TPR RE-PEAT	492		
111		unbekannt		1678	6q21	D6S278-D6S302
112		unbekannt		866	9q22.1-q22.2	D9S1841-D9S196
113		unbekannt		1434	18q12.1-q12.3	D18S1124-D18S468
114		unbekannt		914	7q32.3	D7S686-D7S530
115		unbekannt		685	8p12-p11.23	D8S1821-D8S255

Sequenz ID No.:	Expression im Endometrium-Tumor:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
116		unbekannt		2646		
117		unbekannt		2667		
118		unbekannt		544		
119		unbekannt		1340	18p11.21	D18S471-D18S464
120		unbekannt		2376		
121		unbekannt		225		
122		unbekannt		1967	6q22.33-q23.1	D6S292-D6S1699
123		unbekannt		612		
124		unbekannt		1183	2q32.3-q34	D2S315-D2S2237
125		unbekannt		891	4q28.1-q31.1	
126		unbekannt		482		
127		Human triosephosphate isomerase mRNA		610		
128		Human ras inhibitor mRNA		2072	9q33.3-q34.11	
129		Human R kappa B		980		
130		Human putative interferon-related protein (SM15)		792		
131		Human protein trafficking protein (S31iii125)	2x "EMP24_ GP25L"	1092	14q32.2-14q32.33	WL-9179
132		Human protein kinase C-binding protein RACK7		1523	20q13.13-q13.2	D20S957
133		Human gene for histone H1(0)	"linker_ histone"	2241	22q13.1	
134		Human cathepsin B proteinase	"Cys- protease"	631		
135		Homo sapiens cathepsin B mRNA	"Cys- protease"	980		
136		unbekannt		2238	14q24.1-14q24.3	D14S277
137		H. sapiens XG mRNA		398		
138		H. sapiens mRNA for RAB7 protein	ras	1084	7q21.3-q22.1	D7S652
139		H. sapiens mRNA for pyrroline 5-carboxylate synthetase		1259		
140		H. sapiens mRNA for beta-1,4-galactosyltransferase		1938	1q22-q23.1	
141		H. sapiens IL-13Ra		1874	Xq23	
531		Verlängerung von Seq. ID No. 19	2x "CSD"	1708	1p13.3-1q11	D1S418-D1S252
532		Verlängerung von Seq. ID No. 23	2x "G-beta"	2128	1q23.3-q24.3	D1S242-D1S416
533		Verlängerung von Seq. ID No. 25		2640		
534		Verlängerung von Seq. ID No. 32	2x "DEAD"	1245		
535		Verlängerung von Seq. ID No. 34		822		

Sequenz ID No.:	Expression im Endometrium-Tumor:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
536		Verlängerung von Seq. ID No. 43		2703	9q34.11-q34.13	D9S179-D9S164
537		Verlängerung von Seq. ID No. 44	"MYB_3"	2664	1q21.2	D1S305-D1S506
538		Verlängerung von Seq. ID No. 52		3888		
539		Verlängerung von Seq. ID No. 54		3304		
540		Verlängerung von Seq. ID No. 55		863	3q24-q23	D3S3409
541		Verlängerung von Seq. ID No. 59		1962	5q23.3-q31.1	D5S396-D5S2119
542		Verlängerung von Seq. ID No. 60	2x "PX"; "BEM_DOM AIN"	1772	6q21	AFMa191wd1
543		Verlängerung von Seq. ID No. 65	2x "PDZ"	1009	1q12	D1S2669-D1S498
544		Verlängerung von Seq. ID No. 69		2834	1p21.3-p22.1	D1S2166
545		Verlängerung von Seq. ID No. 82		2319	9q21.32-q22.1	D9S264-D9S257
546		Verlängerung von Seq. ID No. 84		2456	17q23.1-q23.2	D17S1680
547		Verlängerung von Seq. ID No. 87		2218	11p12-p13	WI-6150
548		Verlängerung von Seq. ID No. 88		2196	1q42.11-q43	WI-9317
549		Verlängerung von Seq. ID No. 93		701		
550		Verlängerung von Seq. ID No. 98		2214	16p13.2-p12.3	D16S499
551		Verlängerung von Seq. ID No. 108		1434		
552		Verlängerung von Seq. ID No. 111		2434	6q21	D6S278-D6S302
554		Verlängerung von Seq. ID No. 114		1457	7q32.3	D7S686-D7S530
555		Verlängerung von Seq. ID No. 126		741		

TABELLE II

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
1	142
	143
	144
2	145
	146
	147
3	148
	149
	150
4	151
	152
	153
5	154
	155
	156
6	157
	158
	159
7	160
	161
	162
8	163
	164
	165
9	166
	167
	168
10	169
	170
	171
11	172
	173
	174
12	175

DNA-Sequenz Seq. ID. No.	Protein-Sequenz (ORF's) Seq. ID. No.
12	176
	177
13	178
	179
	180
14	181
	182
	183
15	184
	185
	186
	187
16	188
	189
	190
17	191
	192
	193
18	194
	195
	196
19	197
	198
	199
20	200
	201
	202
21	203
	204
22	205
	206
	207
23	208
	209
	210
24	211

DNA-Sequence Seq. ID. No.	Partial-Sequence (ORF's) Seq. ID. No.
24	212
	213
25	214
	215
	216
26	217
	218
	219
27	220
	221
	222
28	223
	224
	225
29	226
	227
	228
30	229
	230
	231
31	232
	233
	234
32	235
	236
	237
33	238
	239
	240
34	241
	242
	243
35	244
	245
	246

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Protein-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
	247
36	248
	249
37	250
	251
	252
38	253
	254
	255
39	256
	257
	258
40	259
	260
	261
41	262
	263
	264
42	265
	266
	267
43	268
	269
	270
44	271
	272
	273
45	274
	275
	276
46	277
	278
	279
47	280
	281
	282

DNA-S qu nzen S q. ID. No.	Peptid-S quenzen (ORF's) Seq. ID. No.
	283
48	284
	285
49	286
	287
	288
50	289
	290
	291
	292
51	293
	294
	295
52	296
	297
	298
53	299
	300
	301
54	302
	303
	304
55	305
	306
	307
56	308
	309
	310
57	311
	312
	313
58	314
	315
	316
59	317
	318

DNA-Sequenz n Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) S q. ID. No.
	319
60	320
	321
	322
61	323
	324
	325
62	326
	327
	328
63	329
	330
	331
64	332
	333
	334
	335
65	336
	337
	338
66	339
	340
	341
67	342
	343
	344
68	345
	346
	347
69	348
	349
	350
70	351
	352
	353
71	354

DNA-Sequenz n S q. ID. No.	P ptid-Sequ nzen (ORF's) S q. ID. No.
	355
	356
72	357
	358
	359
	360
73	361
	362
	363
74	364
	365
	366
75	367
	368
	369
76	370
	371
	372
77	373
	374
	375
78	376
	377
	378
79	379
	380
	380
	381
80	382
	383
	384
81	385
	386
	387
82	388
	389

DNA-S qu n z n S q. ID. No.	P ptid-S qu n z n (ORF's) S q. ID. No.
	390
83	391
	392
	393
84	394
	395
85	396
	397
	398
86	399
	400
	401
	402
87	403
	404
	405
	406
88	407
	408
	409
89	410
	411
	412
90	413
	414
	415
91	416
	417
	418
92	419
	420
	421
	422
93	423
	424
	425

DNA-Sequence Sequence ID. No.	Protein-Sequence (ORF's) Sequence ID. No.
	426
94	427
	428
95	429
	430
	431
	432
96	433
	434
	435
97	436
	437
	438
98	439
	440
	441
99	442
	443
	444
100	445
	446
	447
101	448
	449
	450
102	451
	452
	453
103	454
	455
	456
104	457
	458
	459
	460
105	461

DNA-S quenz n S q. ID. No.	P ptid-S qu nzen (ORF's) S q. ID. No.
	462
	463
106	464
	465
107	466
	467
	468
	469
108	470
	471
	472
109	473
	474
	475
110	476
	477
	478
111	479
	480
	481
112	482
	483
	484
	485
113	486
	487
	488
114	489
	490
	491
115	492
	493
	494
	495
116	496
	497

DNA-S qu n z n S q. ID. No.	Peptid-S quenzen (ORF's) Seq. ID. No.
	498
117	499
	500
	501
118	502
	503
	504
119	505
	506
	507
120	508
	509
	510
121	511
	512
	513
122	514
	515
	516
123	517
	518
	519
124	520
	521
	522
125	523
	524
	525
126	526
	527
	528
531	561
	562
	563
532	564
	565

DNA-Sequenzen S q. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. N .
	566
533	567
	568
	569
534	570
	571
	572
535	573
	574
	575
536	577
	578
537	579
	580
	581
538	582
	583
	584
539	585
	586
	587
540	588
	589
	590
541	591
	592
	593
542	594
	595
	596
543	597
	598
	599
544	600
	601
	602

DNA-S qu n z n S q. ID. No.	P ptid-S qu n z n (ORF's) Seq. ID. No.
545	603
	604
	605
546	606
	607
	608
547	609
	610
	611
548	612
	613
	614
549	615
	616
	617
550	618
	619
	620
551	621
	622
	623
552	624
	625
554	630
	631
	632
555	633
	634
	635

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 142-528 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

5

Sequenzprotokoll

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

10 (i) ANMELDER:

(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH

(B) STRASSE: Ihnestrasse 63

(C) STADT: Berlin

(E) LAND: Deutschland

15 (F) POST CODE (ZIP): D-14195

(G) TELEFON: (030)-8413 1673

(H) TELEFAX: (030)-8413 1674

20 (ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus
Uterustumorgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 622

25 (iv) COMPUTER READABLE FORM:

(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk

(B) COMPUTER: IBM PC compatible

(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1046 Basenpaare

35 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

```

5   tcggaacgag ggatcactaa tcaacaaacc agctttcggg gtctgacgcg atccttgcc 60
    caggcctctc gaggtccaga cagccgccca gcccgctctg cgacgcagca gtgaatagt 120
    tggtagctcc ttgtctcggg tcagggtccag acctccccgt cttccggctg ccctgaacgt 180
    caggcgacct caggaccctg tgattggcgc ctgcccgggc ggaccgtgac cgaggaaacc 240
    cctggaggga cttgggcatt ccttgggctc cgtgcctggt cttcgtgctc ctttcggggc 300
    aaggatctca cattatcagt ctttgaccga cacagaatgc ctggcatttg ataaatgttt 360
10  gttgaacttg aagagacata tggacaatga atctgcaaag atactgggga gagataccaa 420
    tatcatcaag ccagaccaac agaagttcct tcgatttgct cccacgggag ttccgtctgg 480
    tggaagtcca tgaccacccc ctgcaccaac cctcagccaa caagccgaag cccccacta 540
    tgctggacat cccctcagag ccatgtagtc tcaccatcca tacgattcag ttgattcagc 600
    acaaccgacg tcttcgcaac cttattgcca cagctcaggc ccagaatcag cagcagacag 660
15  aagggtgtaa aactgaagag agtgaacctc ttccctcgtg ccctgggtca cctcctctcc 720
    ctgatgacct cctgccttta gattgtaaga atcccaatgc accattccag atccggcaca 780
    gtgaccacga gaggtagctt tatcgtggga aaggggaaacc tgtgactgaa ctgagctggc 840
    actcctgtcg gcagctcctc taccaaggca gtggcacaaa tcctggccaa cggcgggctt 900
    ttgactgtgc taatgagagt gtccctggaag accctaactt gatgttgga catgagtatt 960
20  ggccttaaa tttaccaaag tttgctgcgt ttttgcgtgt gagcgggaag cccgggtggg 1020
    agagacttcc ttttgccgaa tgtgat                                     1046

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 373 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2

```

    cgaaggcaga gttcaacagg gatcttttgt aaatgttcaa caagggccac aggagccatt 60
    tattgaatth atccatcagt taaccagggc aattaagagc acacatggaa catcgaccat 120
    tccacgggta tctcgtataa ccctcaagga caagccatag tggaacgttg cccattccac 180
50  gcttaaaaat atgcttttaa aaaaggggga atatgaataa ggaccctaca acactactag 240
    cacaagtgtt attcaccctt aatttcttaa atttagataa ttaaatttcc aatcagccct 300
    agaaaagcac ttttgcttaa aacctcccca ggtagcaagg ctttcagtgt tttgggaagg 360
    tgtaaatagt atc                                     373

```

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1571 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3

```

25 ctgctctggc aaccaataga agctaggaga gggcggggac aactgggtct tttgcggctg 60
   cagcgggctt gtaggtgtcc ggctttgctg gccagcaag cctgataagc atgaagctct 120
   tatctttggt ggctgtggtc ggggtgttgc tgggtccccc agctgaagcc aacaagagtt 180
   ctgaagatat ccggtgcaaa tgcatctgtc caccttatag aaacatcagt gggcacattt 240
   acaaccagaa tgtatcccag aaggactgca actgcctgca cgtggtggag cccatgccag 300
   tgcttgccca tgacgtggag gcctactgcc tgctgtgcca gtgcaggtag gaggagcgca 360
30 gaccaccacc atcaaggcca tcattgtcat ctacctgtcc gtggtgggtg ccctgttgct 420
   ctacatggcc ttctgtatgc tggtggaacc tctgatccga aagccgatg catacactga 480
   gcaactgcac aatgaggagg agaagagga tgctcgtct atggcagcag ctgctgcac 540
   cctcggggga ccccgagcaa acacagtcct ggagcgtgtg gaagtgccc agcagcgggtg 600
   gtagctgcag gtgcaggagc agcgggaagc agtcttcgat cggcacaaga tgctcagcta 660
35 gatgggctgg tgtggttggg tcaaggcccc aacaccatgg ctgccagctt ccaggctgga 720
   caaagcaggg ggctacttct cccttccctc ggttccagtc ttccctttaa aagcctgtgg 780
   catttttctt ccttctccct aacttttaga atgtgtgact tggctatatt gattagggaa 840
   gagggatgtg gtctctgatc tccgttgtct tcttgggtct ttggggttga agggaggggg 900
   aaggcaggcc agaagggaat ggagacattc gaggcggcct caggagtgga tgcgatctgt 960
40 ctctcctggc tccactcttg ccgccttcca gctctgagtc ttgggaatgt tgttaccctt1020
   ggaagataaa gctgggtctt caggaactca gtgtctggga ggaagcatg gccagcatt1080
   cagcatgtgt tcctttctgc agtggttctt tatcaccacc tccctcccag cccagcgcc1140
   tcagccccag ccccgctcc agccctgagg acagctctga tgggagagct gggccccctg1200
   agcccactgg gtcttcaggg tgactggaa gctgtgttc gctgtcccct gtgcacttct1260
45 cgcactgggg catggagtgc ccatgcatac tctgtgccc gtcccctcac ctgcacttga1320
   ggggtctggg cagtcctcc tctccccagt gtccacagtc actgagccag acggtcgggt1380
   ggaacatgag actcgaggct gagcgtggat ctgaacacca cagcccctgt acttgggttg1440
   cctcttgctc ctgaacttcg ttgtaccagt gcatggagag aaaattttgt cctcttgct1500
   tagagtgtgt tgtaaatcaa ggaagccatc attaaattgt tttatttctc tccaaaaaaa1560
50 aaaaaaaaaa a 1571

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1789 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

```
20 agaccatgct ggaaaaaatt ccaaaaggaag agcaagaaga gacgtctgca attcgagtgg 60
gttttatcac atataacaaa gttctccatt tctttaatgt gaagagtaat ctggcccagc 120
ctcagatgat ggggtgact gatgttgag aagtcttgt tcctttgttg gatggttcc 180
ttgtcaacta tcaagaatcc caatctgtga ttcataattt gttggaccag attccagaca 240
tgtttcgaga ctctaataa aatgagactg tctttgctcc tgatcatccag gctggcatgg 300
25 aagcactaaa ggcagcagac tgcctcggga agctgttcat cttccattct tccttgccaa 360
ctgctgaagc accagggaag ctcaaaaaca gagatgacaa aaaactggtt aatacagaca 420
aagagaagat acttttccag ccccaacaa atgtctatga ctcatggcc aaggactgcg 480
tggtccaccg gctgctctgt gacactcttc ctcttccta gtcagtatgt ggacgtggcc 540
tcgctggggc tggttcctca gctcactgga ggaacccttt acaaatataa caatttccag 600
30 atgcacttgg atagacaaca atttttgaac gacctcagaa atgatattga aaagaaaata 660
ggctttgatg ctattatgag gggtcgtacc agcacagggt tcagagccac tgatttcttt 720
ggtggaatct tgatgaacaa caccaccgat gtagaaatgg ctgccatcga ttgtgacaag 780
gcagtgaccg tggagttaa gcacgatgac aaactcagt aagacagtgg agccttaatc 840
cagtgtgctg tgctttacac gacaatcagt ggtcaaagaa gacttcggat tcacaatctt 900
35 ggcttaact ggcagctcga gctagctgat ctttataaga gctgtgagac agatgctctt 960
atcaacttct ttgccaaagtc agctttttaa gcagttctcc accagccttt gaaggatcatc1020
cgggaaattc tagttaatca gactgcccac atgttggtat gttaccgga gaattgtgca1080
agtcctctcg cagcaagcca gcttattcta ccagattcca tgaaagtatt gccagtgtac1140
atgaattgct tggtaaaaa ctgtgtacta ctcagcagac cagagatctc aactgatgaa1200
40 cgagcatacc agagacagct ggtcatgacc atgggtgtgg ctgactctca gcttttcttc1260
taccacaac ttctgcccac acacacgta gatgtcaaga gtacaatgtt acctgctgac1320
gttcgttgct ctgagtcctg tctttcagaa gaaggaatat tcttactggc taatgggtcta1380
cacatgttcc tgtggttggg agtaagcagc ccaccagaac tgatccaagg aatatttaatl1440
gtgccatctt ttgcacatat caacacagat atgacattgc tgctgaagt gggaaaccca1500
45 tactctcaac aactcagaat gataatgggt attatccaac aaaagaggcc atattcaatg1560
aagctcacia ttgtaaagca gcgagaacaa ccagaaatgg ttttccgaca gttcctggta1620
gaagacaaaag gactttacgg aggtctctct tatgtggatt tcctttgttg tgttcacaag1680
gagatctgtc agctgcttaa ttaattggaa actccccggg caatggaggt tgcgttgcca1740
gggggggaaa agcccctttt tggggcccaa atttgccagg gggaaaaag 1789
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2361 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

```

20  gggccagccg gctcgcccg gggccatggc agcagcggt actgcagccg agggggtccc 60
    cagtcggggg cctcccggg aagtcattcca tctgaatgtg ggaggcaaga gattcagtac 120
    ctctcgccag actctcacct ggatcccaga ctcttcttcc tccagtcttc tgagcggacg 180
    catctcgacg ctgaaagatg agaccggagc aatcttcacg gacagggacc ctacagtctt 240
    cgccccatc ctcaacttcc tgcgcaccaa agagtggat cccaggggtg tccacgggtc 300
    cagcctcctc catgaagccc agttctatgg gctcactcct ctggttcgtc gcctgcagct 360
25  tcgagaggag ttggatcgat cttcttgtgg aaacgtcctc ttcaatggtt acctgccgcc 420
    accagtgttc ccagtgaagc ggcggaaccg gcacagccta gtggggcctc agcagctagg 480
    aggacggcca gcccctgtcc gacggagcaa cagcatgccc cccaaccttg gcaatgcagg 540
    gctgctgggc cgaatgctgg atgagaaaac ccctccctca ccctcaggac aacctgagga 600
    gccggggatg gtgcgcctgg tgtgtggaca ccataattgg atcgctgtgg cctataccca 660
30  gtttctagtc tgctacaggt tgaaggaagc ctctggcggg cagctggtgt tttccagccc 720
    ccgcctggac tggcccatgc gaacgactgg cgcttcacag cccgggtgca tgggtggggt 780
    ttgggtgaac atgacaagat ggtggcagca gccaccggca gcgagatcct gctatggggt 840
    ctgcaggcgg aaggcgggtg ctccgagata ggggtcttcc atctgggggt gcctgtggag 900
    gccttgttct tcgtcgggaa ccagctcatt gctacaagcc acacaggcgg catcggggtg 960
35  tgcaatgccg tcaccaagca ctggcaggtc caggaggtgc agcccatcac cagttatgac1020
    gcggcaggct ccttcctcct cctgggctgc aacaacggct ccatttacta cgtggatgtg1080
    cagaagtccc ccttgccgat gaaagacaac gacctccttg tcagcgagct ctatcgggac1140
    ccagcggagg atggggtcac cgccctcagt gtctacctca cccccaagac cagtgcaggt1200
    gggaactgga tcgagatcgc ctatggcacc agctcagggg gcgtgcgggt catcgtgcag1260
40  caccgggaga ctgtgggctc ggggcctcag ctcttccaga ccttactgt gcaccgcagc1320
    cctgtcacca agatcatgct gtcggagaag cacctcatct cagtctgtgc cgacaacaac1380
    cagtgccgga catggtctgt gactcgcttc cgcgcatga tttccacca gcccggtccc1440
    accccactcg cttcctttta gatcctggct ctggagtcgg cagatgggca tggcggtgc1500
    agtgctggca atgacattgg cccctacggt gagcgggacg accagcaagt gttcatccag1560
45  aagggtggtg ccagtgccag ccagctcttc gtgcgtctct catctactgg gcagcgggtg1620
    tgctccgtgc gtcctgtgga cggtcacccc acgacagcct tcacagtgtc ggagtgcag1680
    ggctcccggc ggctcggttc tcggccccgg cgctacctgc tctactggcca ggccaacggc1740
    agcttggcca tgtgggacct aaccaccgac atggacggcc tcggccaggc ccttcagggt1800
    ggctgacgg agcaagagct gatggaacag ctggaacact gtgagctggc cccgcgggtc1860
50  ccttcagctc cctcatgggg ctgtctcccc agcccctcac cccgcatctc cctcaccagc1920
    ctccactcag cctccagcaa cacctccttg tctggccacc gtgggagccc aagcccccg1980
    caggctgagg cccggcgccg tgggtggggc agctttgtgg aacgctgcca ggaactggtg2040
    cggagtgggc cagacctccg acggccaccc acaccagccc cgtggccctc cagcgggtctc2100
    ggcaactccc tcacacctcc caagatgaag ctcaatgaaa cttccttttg aacaacgcag2160
55  ctgccatgat gccttgggat gccctggtcc tgggggactc aggtgcctcc ctgattcctg2220
    tgggaacccc ggggtcaggg ccagggcctc cttggaataa atggttattg ttactaggtc2280
    cccaccttcc ctcttttctg gaagccaaaag tcaccctccc caataaagtc ctactgcca2340
    aaaaaaaaaa aaaaaaaacc g                                     2361
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 5 (A) LÄNGE: 1638 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

25 ggctgcggat ttcgccgga atcccgaag tgacagcttt gggggtttgc tgctggctct 60
gactcccgtc ctgcgatggg ttgcgacggg ggaacaatcc ccaagaggca tgaactggtg 120
aagggggcga agaaggttga gaaggtcgac aaagatgctg aattagtggc ccaatggaac 180
tattgtactc taagtcagga aatattaaga cgaccaatag ttgcctgtga acttggcaga 240
30 ctttataaca aagatgccgt cattgaattt ctcttgaca aatctgcaga aaaggctctt 300
gggaaggcag catctcacat taaaagcatt aagaatgtga cagagctgaa gctttctgat 360
aatcctgcct gggaagggga taaaggaaac actaaagggtg acaagcacga tgacctccag 420
cgggcgcgtt tcactctgcc cgttgtgggc ctggagatga acggccgaca caggttctgc 480
ttccttcggt gctgcggctg tgtgttttct gagcgagcct tgaaagagat aaaagcggaa 540
35 gtttgccaca cgtgtggggc tgccttccag gaggatgatg tcactcgtgt caatggcacc 600
aaggaggatg tggacgtgct gaagacaagg atggaggaga gaaggctgag agcgaattgg 660
aaaagaaaac aaagaaaccc aaggcagcag agtctgtttc aaaaccagat gtcagtgaag 720
aagccccagg gccatcaaaa gttaagacag ggaagcctga agaagccagc cttgattcta 780
gagagaagaa aaccaacttg gctcccaaaa gcacagcaat gaatgagagc tcttctggaa 840
40 aagctgggaa gcctccgtgt ggagccacaa agaggtccat cgctgacagt gaagaatcgg 900
aggcctacaa gtccctcttt accactcaca gctccgcaa gcgctccaag gaggagtctg 960
cccactgggt caccacacag tcctactgct tctgaagccc gcaactgccac cgctcctgcc1020
ccagaagggt gtttagtttc cacgtaggca ggtcgctttg tgcctctgag tgcgtgctg1080
tgtgttctct ctatagttct gtgtcataaa gctgtcctgg ccagccttca agctgggtgtg1140
45 gccactcttg atgtgaggcg tgtcggttcc aggggggaca tgggaggggc tgcacagtgg1200
cccagggtca tgcttgcttc cacctgcagg tgcatttggc cctttccatg gccaggaagc1260
cctgtgggct gcacttttta tgcttgagcgt aacaagagac tccagagtcc tcaccggtgc1320
agagtggca catattaatt aactaaaatt ctaatgatct tgctaccagc aataaatcaal380
gtaggccaag tgaaactggg ctttaaaaag gatggatttc aaatacactg tgcccactag1440
50 aagcttcgaa gggcctcgct cctctgttac agccctggga ggagccagga tccttgttgg1500
ttagctaaa tactgttagg ggagtgtgcc ccactctatc atttogaaga tagcagagtc1560
atagttgggc acccggtgat tgggttcaaa aataaagctg gtctgcctct tcaaaaaaaaa1620
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1638

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1034 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7

```

25  cgccctgcgcg ctgagtgcgt gccgctccgc cgaccgaaga ggctggacat gacaccagtg 60
    gcatatcacg gccatggggg ctcagcattc cgctgctgct cgcccctcct cctgcaggcg 120
    aaagcaagaa gatgacaggg acggtttgct ggctgaacga gagcaggaag aagccattgc 180
    tcagttccca tatgtggaat tcaccgggag agatagcatc acctgtctca cgtgccaggg 240
    gacaggctac attccaacag agcaagtaaa tgagttgggt gctttgatcc cacacagtga 300
    tcagagattg cgccctcagc gaactaagca atatgtcctc ctgtccatcc tgctttgtct 360
30  cctggcatct ggtttggtgg tttcttctc gtttccgat tcagtccttg tggatgatga 420
    cggcatcaaa gtggtgaaag tcacatttaa taagcaagac tcccttgtaa ttctcaccat 480
    catggccacc ctgaaaatca ggaactccaa cttctacacg gtggcagtga ccagcctgtc 540
    cagccagatt cagtacatga acacagtggg gaattttacc gggaaggccg agatgggagg 600
    accgttttcc tatgtgtact tcttctgcac ggtacctgag atcctggtgc acaacatagt 660
35  gatcttcatg cgaacttcag tgaagatttc atacattggc ctcattgacc agagctcctt 720
    ggagacacat cactatgtgg attgtggagg aaattccaca gctatttaac aactgctatt 780
    ggttcttcca cacagcgcct gtagaagaga gcacagcata tgttcccaag gcctgagttc 840
    tgggacctac cccacgtgg gtgttaaggc agagggaagg aattggttca ctttaacttc 900
    ccaggcaaac attcctcctg gccacttagg gagggaaaca ccttccctat gggttaccat 960
40  ttgttggttg ttcaggaacc agcggtattc agttgcctag gcgtgttgcc ccagcaatta 1020
    gtttgggcat tgca                                     1034
  
```

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:
- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 947 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8

```
15 cgaggccctg gcatgtgcaa agagtactga gtgggattcc cagcaggata ccatcaagta 60
ctacaccatg cacctgacca cattgtgcaa cacgtgattg gacaacccaa cccagagaaa120
caaggatcag ctgatccggg cagccgtgaa gtttctggac accgacacca tctgctacag180
ggtggaggag cccgagacat tagtggaact tcaaaggaat gagtgggatc caatcatcga240
atgggctgag aaaagatacg gcgtggagat cagctcctcc accagcataa tgggaccag300
catccctgcc aaaactcggg aggtgctcgt cagccacctg gcatcttaca acacatgggc360
20 tttaacaagg attgagttt tagctgcca gctcaagtcc atggtgctaa ccttgggcct420
gattgacctg cgcctgacag tggagcaggc cgtgctgctg tcacgcctgg aggaggagta480
ccagatccag aagtggggca acattgagtg ggcccatgac tatgagctgc aggagctgcg540
ggcccgacc gccgcggca ccctcttcat ccatctctgc tccgagagca ccacagtcaa600
gcacaagctc ctgaaggagt gaggcctggg cagagcacac tcagcaggat agaggcagt660
25 cagccacagc tcccccgcc ttcagggtc cccagcctgt ggggctggct tccttggctt720
ttggggactc ggccctcagc tcaccctgag attccccccg agacacagtg cgctagtacg780
gctgtccgga ggtcagcctg atttcaacct aggtgcccct ggccctggcca gcagtgaatg840
taggatga attgtgcaag tgactttctc tcgactctga ttttattaaa tatttctcca900
ccctggaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 947
30
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
35 (A) LÄNGE: 497 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

```

ctcgtggcga gagactgaga taaaagagca actcactgaa cacctttgta cgatcataca 60
gcaaaatgag ctccgaaagg ccaagaagtt ggaggagttag atgcaacaac tagatgtaga120
agccgatgaa gagacttttg agcttgaggt ggaggtcgag agattgctac acgaacaaga180
5 agtagaatca aggagaccag tgggtcgttt agagaggcca ttccagcctg cggaggagag240
tgtgacatta gaatttgcta aagagaacag aaagtgtcaa gaacaagctg tttcccaaaa300
ggtagatgac cagtgtggaa attccagtag catccccttt cttagtccaa actgccccaa360
tcaagaaggt aatgacattt cagctgcttt ggccacatga agttctggta ttcttttgag420
10 ctaatatggt attgagtaaa gtatactttt tgcagtagat catgccctga cctccaataa480
aaacctcttt aaaacaa 497

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

- 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 269 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

```

cggggagagg tgggctgggc tgcaggctct ggcgttgtgc tggatcatcg cgcccgact 60
ctgaagtttt ctccgtggcg ctcccttgaga ggggttcctc ctgcatcttg agaataattt120
gcatttcggc tcccttctct tctcgtgccc atcggatgcc ccaaataggt cctgtcccct180
40 cggatgaatca gacttcggaa accgcctcgc ttcagggtca gattccaagt acagatgagc240
ttgagaggga ttctgaaatg caacggccc 269

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1717 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

```

15 attctaggac caacactcct gtggagacgt ggaaagggttc caaaggcaaa cagtcctata 60
   cctacatcat tgaggagaac actaccacga gcttcacctg ggccttccag aggaccactt 120
   ttcatgaggc aagcaggaag tacaccaatg acgttgccaa gatctactcc atcaatgtca 180
   ccaatgttat gaatggcgtg gcctcctact gccgtcccgtg tgccctagaa gcctctgatg 240
   tgggctcctc ctgcacctct gtgcctgctg gttactatat tgaccgagat tcaggaacct 300
   gccactcctg cccccctaac acaattctga aagcccacca gccttatggt gtccaggcct 360
20 gtgtgccctg tgggccaggg accaagaaca acaagatcca ctctctgtgc tacaatgatt 420
   gcaccttctc acgcaacact ccaaccagga ctttcaacta caacttctcc gctttggcaa 480
   acaccgtcac tcttgctgga gggccaagct tcacttccaa aggggtgaaa tacttccatc 540
   actttaccct cagtctctgt ggaaaccagg gtaggaaaat gtctgtgtgc accgacaatg 600
   tcactgacct ccgattcct gagggtagt cagggttctc caaatctatc acagcctacg 660
25 tctgccaggc agtcatcatc cccccagagg tgacaggcta caaggccggg gtttcctcac 720
   agcctgtcag ccttgctgat cgacttattg gggtgacaac agatatgact ctggatggaa 780
   tcacctcccc agctgaactt ttccacctgg agtccttggg aataccggac gtgatcttct 840
   tttataggtc caatgatgtg acccagtcct gcagttctgg gagatcaacc accatccgcg 900
   tcagggtgcag tccacagaaa actgtcccgt gaagtttctg gctgccagga acgtgctcag 960
30 atgggacctg tgatggctgc aacttccact tcctgtggga gagcgcggtc gcttgcccgc 1020
   tctgctcagt ggctgactac catgctatcg tcagcagctg tgtggctggg atccagaaga 1080
   ctacttacgt gtggcgagaa cccaagctat gctctggtgg catttctctg cctgagcaga 1140
   gagtcaacct ctgcaaaacc atagatttct ggctgaaagt gggcatctct gcaggcacct 1200
   gtactgccat cctgctcacc gtcttgacct gctacttttg gaaaaagaat caaaaactag 1260
35 agtacaaagta ctccaagctg gtgatgaatg ctactctcaa ggactgtgac ctgccagcag 1320
   ctgacagctg cgccatcatg gaaggcgagg atgtagagga cgacctcatc tttaccagca 1380
   agaagtcaact ctttggaag atcaaatcat ttacctcaa gaggactcct gatggatttg 1440
   actcagtgcc gctgaagaca tcctcaggag gccagacat ggacctgtga gaggcactgc 1500
   ctgcctcacc tgcctcctca ccttgcatag cacctttgca agcctgcggc gatgtgggtg 1560
40 ccagcatcct gcaacacca ctgctggaat tctcttcatt gtggccttat cagatgtttg 1620
   aatttcagat ctttttttat agagtacca aacctcctt tctgcttgcc tcaaacctgc 1680
   caaatatacc cacactttgt ttgtaaatta aaaaaaa 1717

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1419 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:12

```
ggcagaggta ttacctgaaa acttaaaaga aggcctgaag gaatcttcct ggagttcatt 60
accatgtact aaaaacagac cttttgattt tcattcagtg atggaagagt ctcagtctct 120
caatgaacct agcccaaagc agagtgaaga aataccagag gtcacttcag agcctgtcaa 180
15 aggaagctta aaccgtgctc agtcagcaca gtctataaat tcaacagaaa tgcctgccag 240
agaggactgt ttgaaaaaag agtgccctca gaacctgttc tgtcagttca agaaaaaggt 300
gttctgtctga aaagaaagtt gtctctttta gaacaggatg tgattgtaaa tgaagatgga 360
agaaataagc tgaaaaaaca aggagaaact cccaatgaag tctgtatgtt ttccttagct 420
tatgggtgata ttccagaaga attaatcgat gtctcagatt tgcagtggtc tctctgcatg 480
20 aggttggttt ttgagccagt aacaaccctc tgcggacatt cgttctgtaa gaattgtctt 540
gagcgttggt tagatcatgc accatattgt cctctttgca aagaaagctt aaaagagtat 600
ctagcagata ggagggtactg tgtcacacag ctgttggaag gaattaatag tgaagtatct 660
gcctgatgaa ctgtctgaga gaaaaaaaat atatgatgaa gaaactgctg aactctcaca 720
cttgaccaag aatgttccaa tatttggttg cactatggcc taccctactg tgccttgccc 780
25 tctccatgta tttagccaa gatacagatt gatgattcga agaagtatac agactggaac 840
caaacagttt ggcagtggtg tcagtgtatc acaaaatagt tttgcagatt atggttggtat 900
gttacaaatt agaaacgtgc atttcttacc ggacggaagg tctgtggttg atacagttgg 960
aggaaagcgg tttagggttt taaaaagagg aatgaaagat ggatattgca ctgccgacat1020
tgaatatctg gaagatgtta aggttgagaa tgaagatgag attaagaatc tcagagagct1080
30 tcatgatttg gtttactctc aagcctgcag ctggtttcag aatttaagag acagatttcg1140
aagccaaatt cttcagcatt tcggatcaat gcccgagagg agggaaaacc ttcaggcagc1200
cctaattgga cctgcatggt gttggtggct tcttgagtt ctcctgtag acccagata1260
ccagctgtcg gttttgtcaa tgaagtcttt gaaagaacgg ttgaccaaga tacagcatat1320
actgacctat ttttctagag accaattcta agtaactaac tctttgggat cttccctttg1380
35 aaagttgacc cctaattctt gggctgccat ttggttggg 1419
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

40 (A) LÄNGE: 671 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

5
agcgcggtga agcgggggtg ggatctgaac atggcggcgg tggtagctgc tacggcgctg 60
aagggccggg gggcgagaaa tgcccgcgtc ctccggggga ttctcgagg agccacagct120
aacaaggctt ctcataacag gacccgggcc ctgcaaagcc acagctcccc agagggcaag180
gaggaaacctg aaccctatc cccggagctg gaatacattc ccagaaagag gggcaagaac240
10 cccatgaaag ctgtgggact ggccctgggc atcggcttcc cttgtggtat cctcctcttc300
atcctcacca agcgggaagt ggacaaggac cgtgtgaagc agatgaaggc tcggcagaac360
atgcggttgt ccaacacggg cgagtatgag agccagaggt tcaggggcttc ctcccagagt420
gccccgtccc ctgatgttg gtctgggggtg cagacctgag gagcgctgcg accctcctag480
gctattgact gttaagtcct caggtttggc ccagattcca gttcgtgcct ctgaggtcca540
15 ccagagggcg catgaagccc aggctgttgc caaacctac cctgccccac accaaggagc600
ccaccaagg caaataaagt tattgagtgt ttagtagaaa ggaaaaaaaa aaaaaaaaaa660
aaaagtcgac c 671

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 524 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:14

45
aagtgttctc agatgctgat gtttgtaagg tcccgtggg gccatgagga agaagaggag 60
ctgaaggtaa gagactcata aacaagatga ctctttgatg catgaacaag atttgaaaat120
ctcaagcctg taaagaatac cctgctatt taaataaagc tcataccaag aggtaacatt180
ttgccccggg ccaaattcag gggcttagtg ccctgcattc ctttgaggca aaaaataaat240
gggctatgac tggttaaatg tccaaaaggt gaattctcat ttcatcaca caaagacaga300
tttgcgcat cactcaagca gaatgtggcc atgaatatc agcccctgca tacatacaaa360
gatgtacgca tgattcccc caccaagcac acacacagtc acacacgcac acacacacac420
50 atgcacacac gcgcgtgcac acacggacac atgcacacac acacgcacac gtaaacacat480
gcacacatgc acacacgtgc acacatgcac acacggacac actt 524

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 345 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- 10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

25 aaactttctt tctacaaaa atcaaaagct tagctgatag atcatgaaaa tagattatga 60
acagtgaat tcctgagaag gctgaaagt cggggaacca aagcagggga gattagcctt120
agtccggagg agggagaagc agatggaagt cagcagcctg ccttgttttt acgtgtaata180
tttaaatttg caaattgtat tacaggagg cctactttct gtttttatca agagtttttc240
ttttgttcaa agacactggt tatgggaata ttttgaaagg gtaagaaacg ctggtataaa300
aagggtgttc agattaattt tgaaggctct tacggaacca gtccc 345

- 30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:
- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1060 Basenpaare
35 (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
40 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

```

5  ggcgggtccca ggcaggccca gaagctgggc agcctctgcc gggttccggg aaaaggagct 60
   cctgctgcca ctgctcttcc ggagcctgca gcatggggcc cctgccgcgc accgtggagc 120
   tcttctatga cgtgctgtcc ccctactcct ggctgggctt cgagatcctg tgccgggtatc 180
   agaatatctg gaacatcaac ctgcagttgc ggcccagcct cataacaggg atcatgaaag 240
   acagtggaaa caagcctcca ggtctgtctc cccgcaaagg actatacatg gcaaatgact 300
   taaagctcct gagacaccat ctccagattc ccatccactt cccaaggat ttcttgtctg 360
   tgatgcttga aaaaggaagt ttgtctgcca tgcgtttcct caccgccgtg aacttggagc 420
10  atccagagat gctggagaaa gcgtcccggg agctgtggat gcgctctg tcaaggaatg 480
   aagacatcac cgagccgcag agcatcctgg cggctgcaga gaaggctggt atgtctgcag 540
   aacaagccca gggacttctg gaaaagatcg caacgccaaa ggtgaagaac cagctcaagg 600
   agaccactga ggagcctgc agatacggag cctttgggct gccatcacc gtggcccatg 660
   tggatggcca aaccacatg ttatttggtc ctgaccgat ggagctgctg gcgacactgc 720
15  tgggagagaa gtggatgggc cctatactc cagccgtgaa tgccagactt taagattgcc 780
   cggaggaagc aaactcttcg tataaaaaaa gcaggccatc tgcttaacct ttggtccac 840
   cataaggcac tgggactcgg atttctctat ctgatagagg tattttctgt ggccctggga 900
   gctgtctgtc tttccctac cccaaggat gccaggaaga cgtccaccat tagccatgtg 960
   gcaaccttta cttctatgcc tcacaagtgc ctttcagaga gcccgaattc tgctttccca 1020
20  caaataaac ctaatgccat caggcaaaaa aaaaaaaaaa 1060

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 25 (A) LÄNGE: 1721 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17

```

45  ctctctctct ttctgtctct tctcgtctcc ctctctttct ctctcctc tgccttccca 60
   gtgcataaag tctctgtcgc tcccggaact tggtggcaat gcctattttt tggctttccc 120
   ccgcgttctc taaactaact atttaaaggc ctgcggctgc aaatggtttg actaaacgta 180
   ggatgggact taagttgaac ggcagatata ttctactgat cctcgcgggtg caaatagcgt 240
50  atctggtgca ggccgtgaga gcagcgggca agtgcgatgc ggtcttcaag ggcttttcgg 300
   actgtttgct caagctgggc gacacatggc caactaccgc caggcctgga cgacaagacg 360
   aacatcaaga ccgtgtgcac atactgggag gatttccaca gctgcacggt cacagccctt 420
   acggattgcc aggaaggggc gaaagatatg tgggataaac tgagaaaaga atccaaaaac 480
   ctcaacatcc aaggcagctt attcgaactc tgcggcagcg gcaacggggc ggccgggtcc 540
55  ctgctcccgg cgttcccggg gctcctgggt tctctctcgg cagcttttag gacctggctt 600
   tccttctgag cgtggggcca gctccccccg cgcgcccacc cacactcact ccatgctccc 660

```

```

ggaaatcgag aggaagatcc attagtctct tggggacggt gtgattctct gtgatgctga 720
aaacactcat ataggattgt gggaaatcct gattctcttt tttatttcgt ttgatttctt 780
gtgtttttatt tgccaaatgt taccaatcag tgagcaagca agcacagcca aaatcggacc 840
tcagcttttag tccgtcttca cacacaaata agaaaacggc aaacccaccc cattttttta 900
5 ttttattatt ataatTTTT tttgttggca aaagaatctc aggaacggcc ctggggccacc 960
tactatatta atcatgctag taacatgaaa aatgatgggc tcctcctaag aggaaggcga1020
ggagaggaga agggcagggg aatgaattca agagagatgt ccacggacga aacatacgg1080
gaataattca cgctcacgtc gttcttcac agtatcttgt tttgatcatt tccactgcac1140
atctctctc aagaaaagcg aaaggacaga ctgttggcct tgtgtttgga ggataggagg1200
10 gagagaggga aggggctgag gaaatctctg gggtaagagt aaaggcttcc agaagacatg1260
ctgctatggt cactgagggg ttagctttat ctgctgttgt tgatgcaccc gtccaagt1320
actgccttta ttttccctcc tccctcttgt ttagctgtt acacacacag taatacctga1380
atatccaacg gtatagatca caaggggggg atgttaaatg ttaatctaaa atatagcta1440
aaaaagattt tgacataaaa gagccttgat ttaaaaaaa aaagagagag agatgtaatt1500
15 taaaaagttt attataaatt aaattcagca aaaaaagatt tgctacaaag tatagagaag1560
tataaaataa aagttattgt ttgaaaaaaa agtgtcgtt gtttcctacc ccaacctgt1620
ttcttgaccc agttctcagg gaacctgaag ggacacagga tgccggtgat aagctcacct1680
cttcaggaag ccgcttcaag cagacctgcc accttcaagc a 1721

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 2367 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

```

accctgtggt cccgggtttc tgcagagtct acttcagaag cggaggcact gggagtccgg 60
45 tttgggattg ccaggctgtg gttgtgagtc tgagcttgtg agcggctgtg gcgccccaac 120
tcttcgccag catatcatcc cggcaggcga taaactacat tcagttgagt ctgcaagact 180
gggaggaact ggggtgataa gaaatctatt cactgtcaag gtttattgaa gtcaaaatgt 240
ccaaaaaat cagtggcggg tctgtggtag agatgcaagg agatgaaatg acacgaatca 300
tttgggaatt gattaaagag aaactcattt ttccctacgt ggaattggat ctacatagct 360
50 atgatttagg catagagaat cgtgatgcc aacacgacca agtcaccaag gatgctgcag 420
aagctataaa gaagcataat gttggcgta aatgtgccac tatcactcct gatgagaaga 480
gggttgagga gttcaagttg aaacaaatgt ggaaatcacc aaatggcacc atacgaaata 540
ttctgggtgg cacggtcttc agagaagcca ttatctgcaa aaatatcccc cggcttgtga 600
gtggatgggt aaaacctatc atcataggtc gtcattgcta tggggatcaa tacagagcaa 660
55 ctgattttgt tgttcctggg cctggaaaag tagagataac ctacacacca agtgacggaa 720
cccaaaagg gacatacctg gtacataact ttgaagaagg tgggtggtgt gccatgggga 780
tgtataatca agataagtca attgaagatt ttgcacacag ttccttccaa atggctctgt 840

```

```

ctaagggttg gcctttgtat ctgagcacca aaaacactat tctgaagaaa tatgatgggc 900
gttttaaaaga catctttcag gagatatatg acaagcagta caagtcccag tttgaagctc 960
aaaagatctg gtatgagcat aggctcatcg acgacatggg ggccaagct atgaaatcag1020
agggaggctt catctgggcc tgtaaaaact atgatgggtga cgtgcagtcg gactctgtgg1080
5 cccaagggtta tggtctctctc ggcatgatga ccagcgtgct ggtttgtcca gatggcaaga1140
cagtagaagc agaggctgcc cacgggactg taacccgtca ctaccgcatg taccagaaag1200
gacaggagac gtccaccaat cccattgctt ccatttttgc ctggaccaga gggtagccc1260
acagagcaaa gcttgataac aataaagagc ttgccttctt tgcaaatgct ttggaagaag1320
tctctattga gacaattgag gctggcttca tgaccaagga cttggctgct tgcattaaag1380
10 gttaacccaa tgtgcaacgt tctgactact tgaatacatt tgagttcatg gataaacttg1440
gagaaaactt gaagatcaaa ctagctcagg ccaaacttta agttcatacc tgagctaaga1500
aggataattg tcttttggtg actaggtcta caggtttaca tttttctgtg ttacactcaa1560
ggataaaggc aaaatcaatt ttgtaatttg tttagaagcc agagtttatc ttttctataa1620
gtttacagcc tttttcttat atatacagtt attgccacct ttgtgaacat ggcaaggga1680
15 ttttttacia tttttatttt attttctagt accagcctag gaattcgggt agtactcatt1740
tgtattcact gtcacttttt ctcatgttct aattataaat gaccaaatac aagattgtct1800
aaaagggtta atgatagcca cagtattgct ccctaaaata tgcataaagt agaaattcac1860
tgccttcccc tcctgtccat gaccttgggc acagggaagt tctggtgtca tagatatccc1920
gttttgtgag gtagagctgt gcattaaact tgcacatgac tggaacgaag tatgagtca1980
20 actcaaagt gttgaagata ctgcagtcac ttttgtaaag accttgctga atgtttccaa2040
tagactaaat actgttttag ccgcaggaga gtttgaatc cggaataaat actacctgga2100
ggtttgtcct tccatttttt ctctttctcc tcctggcctg gcctgaatat tatactactc2160
taaatagcat atttcatcca agtgcaataa tgtaagctga atcttttttg gacttctgct2220
ggcctgtttt atttctttta tataaatgtg atttctcaga aattgatatt aaacactatc2280
25 ttatcttctc ctgaactgtt gattttaatt aaaattaagt gctaattacc attaaaaaaa2340
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 2367

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1321 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

```

cctggaaaca agatccaaac ccaagtgacc ccgccggaaa gtgaccagc caggtttaaa 60
aattccaaca aaccgacgtg aacaaataga ccgaccaacc aaatatacaa tccgtcaaaa 120
tacattcact tccactacga aacccaaca aagggtgtga atgcccgccc aggagagacg 180
55 gttttggttt catcaagtgt gtggatcgtg atgttcgtat gttcttccac ttcagtgaag 240
ttctggatgg gaaccagctc catattgcag atgaagtaga gtttactgtg gttcctgata 300
tgctctctgc tcaaagaaat catgctatta ggattaaaaa acttcccaag ggcacgggtt 360

```

```

catttcattc ccattcagat caccgttttc tgggcacggt agaaaaagaa gccacttttt 420
ccaatcctaa aaccactagc ccaaataaag gcaaagagaa ggaggctgag gatggcatta 480
ttgcttatga tgactgtggg gtgaaactga ctattgcttt tcaagccaag gatgtggaag 540
gatctacttc tcctcaaata ggagataagg ttgaatttag tattagtac aaacagaggc 600
5 ctggacagca gggtgcaact tgtgtgcgac ttttaggtcg taattctaac tccaagaggc 660
tcttgggtta tgtggcaact ctgaaggata attttggatt tattgaaaca gccaatcatg 720
ataaggaaat ctttttccat tacagtgagt tctctgggtga tgttgatagc ctggaactgg 780
gggacatggt cgagtatagc ttgtccaaag gcaaaggcaa caaagtcagt gcagaaaaag 840
tgaacaaaac acactcagt aatggcatta ctgaggaagc tgatcccacc atttactctg 900
10 gcaaagtaat tcgccccctg aggagtgttg atccaacaca gactgagtac caaggaatga 960
ttgagattgt ggaggagggc gatatgaaag gtgaggtcta tccatttggc atcgttggga 1020
tggccaacaa aggggattgc ctgcagaaag gggagagcgt caagttccaa ttgtgtgtcc 1080
tgggccaaaa tgcacaaact atggcttaca acatcacacc cctgcgcagg gccacagtgg 1140
aatgtgtgaa agatcagttt ggcttcatta actatgaagt aggagatagc aagaagctct 1200
15 ttttccatgt gaaagaagtt caggatggca ttgagctaca ggcaggagat gaggtggagt 1260
tctcagtgat tcctaagagt tcaggcggac tggcagggtc aggcgcctgt agatgttttg 1320
g 1321

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 384 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - 25 (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- 30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 35 (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:20

```

ggtcgaatcc aaatcactca ttgtgaaagc tgagctcaca gccgaataag ccaccatgag 60
45 gctgtcagtg tgtctcctga tggctcgtc ggccctttgc tgctaccagg cccatgctct 120
tgtctgcca gctgttgctt ctgagatcac agtcttctta ttcttaagt acgctgcggt 180
aaacctcaa gttgccaac ttaatccacc tccagaagct cttgcagcca agttggaagt 240
gaagcactgc accgatcaga tatcttttaa gaaacggctt ctcatttgaa aaagtcctgg 300
gtgggaatag tgaaaaaatg tgggtgtgtg acatgtaaaa atgctcaacc tgggtttcca 360
50 aagtcttttc aacggcaacc tgat 384

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 367 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

15

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

20

gggcactggg ggtccgggtc ctcaccaaac gattcatcgg tgactatgaa agaaatgcag 60
gtaatctcta tactagacaa gttcagatag aagggtgaaac cctggctctt caggttcaag120
acactccagg tattcaggtc catgagaaca gcctgagctg cagtgaacag ctgaatagg180
gcattcgctg ggcagatgct gtggtgatcg ttttctccat cactgactac aagagctatg240
25 aactcatcag ccagctccac cagcacgtgc agcagctaca ccttgggcac ccggctgcct300
gtgggtgggc gtgggccaac aaaagtgacc tgttgcacat caaacagggt gaccctcagc360
ttggact 367

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

30

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 2621 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - 35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 - 45 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

```

gggcctttgc ccgccttggc ggccggctct acgttccctg ttctcgctg cagctccgcc 60
atggctccta aaggcagctc caaacagcag tctgaggagg acctgctcct gcaggatttc 120
agccgcaatc tctcggccaa gtcctccgcg ctcttcttgc gaaacgcgtt catcgtgtct 180
gccatcccca tctggttata ctggcgaata tggcatatgg atcttattca gtctgtgttt 240
5 ttgtatagtg tgatgaccct agtaagcaca tatttggttag cttttgcata caagaatgtg 300
aaatttggtt tcaagcacaa agtagcacag aagaggagg atgctgtttc caaagaagtg 360
actcgaaaac tttctgaagc tgataataga aagatgtctc ggaaggagaa agatgaaaga 420
atcttgtgga agaagaatga agttgctgat tatgaagcta caacattttc catcttctat 480
aacaacactc tgttcctggg cgtggctcatt gttgcttcc tcttcattat gaagaacttc 540
10 aacccacacag tgaactacat attgtccata agtgcttcat caggactcat cgccctcctg 600
tctactggct ccaaatagac catgtcagct tcacccctcg gctttgtgtc tatgggtggc 660
ctgtggtata tggaaaagta gcagggtggg cagggtggga gacacaagat gtttttatag 720
tctagagcct ttaaaaaacc cagcagaatg taattcagta tttgtttatt ggctgttttt 780
tgacagattg ttgaaattaa atgaattgaa agggaaactc agagtactag gacgtttatt 840
15 aaaaggaaaa aaatgtcttg caatgtgctg taatcacaa aggagaaaa aacttgtttc 900
cttgatctgt cagaggtcac agtaacctgg gccgagctgt tattatttat tatataatag 960
tagtaggaag ttaataactg gttctctgtg ttccaagcac aatattacaa cttcttttga 1020
accgtaata tcagaatgaa tcctcttccc aggggattga acagaagctt aatgtttaca 1080
agtgtttgaa tttgtgatct gaaataacac aaaattaaaa acatgatttc tctaattttc 1140
20 caactagagg aagagaaact tgtggaagag ttcttttttt ttctgttttt tttcttaaag 1200
aagggcagcc aaggtagtaa ctaaaaaata gtgccagggc atatgagagt tgcctacga 1260
ggtaaagaa cacactgttc cactgtatgg ctttggccct gagggtgccag ggagggtca 1320
ttgacctgtc catgttggtt tgacttacta agacacagga atcattgttt tccttgacca 1380
gggtctcaca ccctggagga atgttaagta agagaaagaa cctctttcct gaatttgac 1440
25 atgtaaaaga ccaaagtaat ttttctgaac ttctgcaatt ctgagaactc tccaaggaat 1500
ttacagtgat tttagtgtt gtcagcatth ttccatgagg actttcatac atttgactct 1560
ttagttcaca ggttccatt gattgtgagc aagatattta tctctttagc ctttggggat 1620
ccagctgaga gcaatctctt gcattttttt acccgtgtat gtacagatat catttcttgt 1680
gtatgccatg acttgaaaaa gtttgggaag ctcttttagc atatcagcta aaaggatat 1740
30 aaatcacagg tgatagcagt tgtcattcag taatttccta caagcagcac ccaaaaggaa 1800
atatagtcct aatctttact atccacttct aaatttaagt tgaatttcat acatgttatt 1860
agttgttttc tttataattt tataaaaaatt attcatcggg agtttaactt ccacttccat 1920
gctatcggat gtgttgggct ccatgcaaga acttggaaga aaaacaggca ggaatgcatt 1980
tgcataatga cccagatcat cattttctgc aactgagaat tatatttcat cattgttct 2040
35 agaagtctgc aattctttac ttttcttttg tgcattatta tctaggtgcc atcactggat 2100
aatgtggagt gactagagaa gtcacatac actgtaaggt acagttaggg taacacttta 2160
gaggtttatt attttataaa aacttttctt gaactcctgg ccaacatggt gaaaccccg 2220
ctctactaaa aataccaaaa ttagccaggc gtgatggtgg gtgcctgtaa tctcagctac 2280
ttgggaggct gaagcaggag aactgcctga acccaggagg cagagggtgc agtgagtcga 2340
40 gatcgtgcta ctactgcctg ggtggcaagg gtgagactcc atctcaaaaa agaaacaaaa 2400
aaacccaaaa agttttcttt actgttggtt aaaaaaaaa gccagaccat agtttgactg 2460
gtggcatgga atttgtgtat caaataaatg catttgctta tttgacaaac aaaaagtgtc 2520
cactattggt gaccgaggtg gggccgtttt tttgaaattg ggggggaaat ttgcccggtg 2580
gtgggagggc ctttgtgggg ggggaaaaat tgcccccttg g 2621

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2019 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

```
10  ctgtatccta atttcttggg gaatgaactc attcttaaag agaagcaaag atttgaggaa 60
    aagagggttca aattggacca ctgagttagt agcaccaatg gccacagggtg gcagatatatt 120
    caagattggt tgggaactga ccaagataac cttgatttgg ccaatgtcaa tcttatgttg 180
    gagttacttag tgcagaagaa gaaacaactg gaagcagaat cacatgcagc ccaactacag 240
15  attcttatgg aattcctcaa ggttgcaaga agaaataaga gagagcaact ggaacagatc 300
    cagaaggagc taagtgtttt ggaagaggat attaagagag tggaagaaat gagtggctta 360
    tactctcctg tcagtggaga tagcacagtg cctcaatttg aagctccttc tccatcacac 420
    agtagtatta ttgattccac agaatacagc caacctccag gtttcagtgg cagttctcag 480
    acaaagaaac agccttggtg taatagcacg ttagcatcaa gacgaaaacg acttactgct 540
20  cattttgaag acttggagca gtgttacttt tctacaagga tgtctcgtat ctgagatgac 600
    agtcgaactg caagccagtt ggatgaattt caggaaatgct tgtccaagtt tactcgatat 660
    aattcagtag gaccttttag cacattgtca tatgctagtg atctctataa tggttccagt 720
    atagtctcta gtattgaatt tgaccgggat tgtgactatt ttgcgattgc tggagttaca 780
    aagaagatta aagtctatga atatgacact gtcacccagg atgcagtggg tattcattac 840
25  cctgagaatg aaatgacctg caattcgaaa atcagctgta tcagtggag tagttaccat 900
    aagaacctgt tagctagcag tgattatgaa ggcactgtta ttttatggga tggattcaca 960
    ggacagaggt caaaggtcta tcaggagcat gagaagaggt gttggagtgt tgactttaat1020
    ttgatggatc cttaaactctt ggcttcaggt tctgatgatg caaaagtga gctgtggtct1080
    accaatctag acaactcagt ggcaagcatt gaggcaaagg ctaatgtgtg ctgtgttaaa1140
30  ttcagccctc cttccagata ccatttggct ttccgctgtg cagatcactg tgtccactac1200
    tatgatcttc gtaacactaa acagccaatc atggtattca aaggacaccg taaagcagtc1260
    tcttatgcaa agtttgtgag tggtaggaa attgtctctg cctcaacaga cagtcagcta1320
    aaactgtgga atgtaggaa accatactgc ctacgttctt tcaagggtca tatcaatgaal380
    aaaaactttg taggcctggc ttccaatgga gattatatag cttgtggaag tgaaaataac1440
35  tctctctacc tgtactataa aggactttct aagactttgc taacttttaa gtttgataca1500
    gtcaaaagtg ttctcgacaa agaccgaaaa gaagatgata caaatgaatt tggtagtgct1560
    gtgtgctgga gggcactacc agatggggag tccaatgtgc tgattgctgc taacagtcag1620
    ggtacaatta agtgctaga attggtatga agggtaact caagtcaaat tgtacttgat1680
    cctgctgaaa tacatctgca gctgcaaatg agagaagaaa cagaaaatgt catgtgatgt1740
40  ctctcccaa agtcatcatg ggttttggat ttgttttgaa ttttttttc tttttttctt1800
    ttccctcctt tatgacctt gggacattgg gaatacccag ccaactctcc accatcaatg1860
    taactccatg gacattgctg ctcttggtgg tggtatctaa tttttgtgat agggaaacaa1920
    attcttttga ataaaaataa ataacaaaac aataaaagt tattgagcca caaaaaaaa1980
    aaaaaaaaaa aaaaaagaaa agaaggagg agggaaaagg 2019
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1866 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```
gtgggtgctg tgacaggcac tatttgaagt gctttatcat ggattaactc ttaatcctca 60
15 gctaccgtat aaagtaggac ataaccocat ttcacatgca ctacactgag acttgccctcc 120
tctcccccca cattgaagat gttctttttt cataactata tactattcca ttgcatgaat 180
attctgtaat ttatttaatc ccctatggat tgataattag gttcattata gatagaagtg 240
taattaacat tcctgtacat gtattttgct acttggtggt gtatttctgt aggatgaata 300
actagaaatt tattggatca ggtttcacat ttgcagtttt gaaaactact accaaaaaga 360
20 tttcaccaat ttacaactcc atcattagta agaatgcctg tttgcctata gtctgccaac 420
cctgaatcct taaaaatttt tgccaatctg tagggcaaaa tttctttctt ttctttgaat 480
attaatgagg aggaacatct tttcatgttt cttggccatt tgcatttcct attatgaatt 540
gcttttgccc attttccttt ttttaattat gaaagtctaa tgactacctt ctcatgtgat 600
aaaaaacaca gttctttgaa tagagagacc cttttctcca atgctacca tcacattcca 660
25 cttaccacag tttaacatac atcctctagt cacccttccg tacgaatata catcacata 720
aaaacacttt ttacataaat aggatctcat attctgtagc tttttaaaat tttggtctca 780
aaaaagata acaggtcttt aaatttcttt aatggttgaa tatgattaaa tactatgaaa 840
atgccattat ttattccctt aatttttttc ctctcgctat tacattgcca aagtaaacad 900
cctattcaga tgtctttgtg catgtgtgtg aatatttctt tagtctggag tccagtaagg 960
30 tggatttttg gatcaaaggg tttgttctct gtccaccttc agtcttccca aaggccttca1020
taactgtatt ttcaccaagt gtatggagaa tgttcatttc cccatataac catacctaca1080
cttgatagt ttatctgttt gggcgaaaaa gaaccttttc ttattttgca tttccctgat1140
tataaaaaaa aatggtgaga ttgggggttat tttcatgttt attggccatt tatagtttac1200
tgtggattgt ttgtatccct tacctgcttt ctattgggtt atgtgtggat atattgtttt1260
35 tatttgttca gcatctcctt ccccatcttc tggttaacaca acctttattt atttgtgggg1320
aacctattcc ctgtggctta ggtgagcatg tgaccaggcc tggcctcctg agtcccacag1380
cttcctagcc acagtgataa aagaatgggt atataactta agccaggcta aggaaagccc1440
ttaacagaac ttctgctgga actactggaa agaaggcttt atggagatcc caggaaccaal500
ggaccatgta agcctgaatt tgtgccatgt ggagagagtc tgtctgagga gaaactcgga1560
40 tgctagcaga aatggaaaga gaactaagtt ctgatgtcat ttttctggag gccctagatc1620
cagctgtgcc taaagcctgc cctacctccg gactttaaag ttttgtgagc caataaagtc1680
cctttcttgt ttaagataat tgaattgagt ttctgttctg attaatatag gttatttgta1740
ttttcttatt gatttgtaga aaacctttgt aattttaaat tctagacttt atgcactata1800
taagttaata aaattagcat ggccttccat gaaaaaaaa aaaaaaaaa aaaaaaaaaa1860
45 aaaaaa 1866
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
50 (A) LÄNGE: 1189 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

```

15 ctagcaagca ggtaaacgag ctttgtacaa acacacacag accaacacat ccgggggatgg 60
   ctgtgtgttg ctagagcaga ggctgattaa acactcagtg tgttggtctt ctgtgccact 120
   cctggaaaat aatgaattgg gtaaggaaca gttaataaga aaatgtgcct tgctaactgt 180
   gcacattaca acaaagagct ggcagctcct gaaggaaaag ggcttgtgcc gctgccgttc 240
   aaacttgtca gtcaactcat gccagcagcc tcagcgtctg cctccccagc acaccctcat 300
   tacatgtgtc tgtctggcct gatctgtgca tctgctcgga gacgctcctg acaagtcggg 360
20 aatttctcta tttctccact ggtgcaaaga gcggatttct ccctgcttct cttctgtcac 420
   ccccgctcct ctccccagc aggcctccttg atttatggta gctttggact tgcttccccg 480
   tctgactgtc cttgacttct agaatggaag aagctgagct ggtgaaggga agactccagg 540
   ccatcacaga taaaagaaaa atacaggaag aaatctcaca gaagcgtctg aaaatagagg 600
   aagacaaact aaagcaccag catttgaaga aaaaggcctt gagggagaaa tggcttctag 660
25 atggaatcag cagcgaaaaa gaacaggaag agatgaagaa gcaaaatcaa caagaccagc 720
   accagatcca ggttctagaa caaagtatcc tcaggcttga gaaagagatc caagatcttg 780
   aaaaagctga actgcaaact tcaacgaagg aagaggccat tttaaagaaa ctaaagtcaa 840
   ttgagcggac aacagaagac attataagat ctgtgaaagt ggaaagagaa gaaagagcag 900
   aagagtcaat tgaggacatc tatgctaata tcctgacct tccaaagtcc tacatacctt 960
30 ctaggttaag gaaggagata aatgaggaag aagaagatga tgaacaaaat aggaaagctt1020
   tatatgccat ggaaattaaa gttgaaaaag acttgaggac tggagaaagt acagttctgt1080
   cttcaatacc tctgccatca gatgacttta aaaggccagc gagtaaaagt ttatgatgat1140
   gggcaaaagt ccagtgtatt cagtaaaagt ctaatcacia gttggaggt 1189

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
40 (A) LÄNGE: 1418 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
45 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

```

5 gagctcgag ctccgccggc gcctgggtccc agcgcccgcg gcgcccgcgc cccggcccaa 60
ccatggcgctc ctccgcggcc ggctgcgtgg tgatcggttg cagtgaggatc attgggcgaa 120
gtgggcatatg ctgtttgccg gtggaggctt ccagggtgaaa ctctatgaca ttgagcaaca 180
gcagataagg aacgccctgg aaaacatcag aaaggagatg aagttgctgg agcaggcagg 240
ttctctgaaa ggctccctga gtgtggaaga gcagctgtca ctcatcagtg gttgtcccaa 300
10 tatccaagaa gcagtagagg gtgccatgca cattcaggaa tgtgttccag aagatctaga 360
actgaagaag aagatttttg ctcatgttaga ttccatcatt gatgatcgag tgatcttaag 420
cagttccact tcttgctca tgccttccaa gttgtttgct ggcttgggtc atgtgaagca 480
atgcatcggtg gctcatcctg tgaatccgcc atactacatc ccgctgggtg agctgggtccc 540
ccaccgggag acggcccccta cgacagtggc cagaaccac gccctgatga agaagattgg 600
15 acagtgcccc atgcgagtc agaaggaggt ggccggcttc gttctgaacc gcctgcaata 660
tgcaatcatc agcgaggcct ggcggtcagt ggaggaagga atcgtgtctc ctagtacct 720
ggaccttgct atgtcagaag ggttgggcat gcggtatgca ttcattggac ccctggaaac 780
catgcacttc aatgcagaag gtatgttaag ctactgcgac agatacagcg aaggcataaa 840
acatgtccca cagacttttg gaccattcc agagttttcc agggccactg ctgagaagg 900
20 taaccaggac atgtgcatga aggtccctga tgaccggag cacttagctg ccaggaggca 960
gtggaggggac gagtgcctca tgagactcgc caagttgaag agtcaagtgc agcccagtg 1020
aatttcttgt aatgcagctt ccaactcctc cattggaggc cctatttggg aacactgcaa 1080
gcccttaatc agccctctgt gacataggta gcagcccacg gagatcctaa gctggctgtc 1140
ttgtgtgcag cctgagtggg gtggtgcagg ccggtagtct gcccgtcact ttggatcata 1200
25 gccctgggcc tggcggcaca gcagcacttg cgttctcggg gctgtcgatt tcctgccacc 1260
tgggcagata acctggagat ttccacctt tctttttcag cttgattgca tttgagtatg 1320
atttgacagc cagtattgt agttttcatg ttaatatgtg ggcaaaatat ttttgaatt 1380
atttttgtaa tccctttctg agtaatctgg gggtcctt 1418

```

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 814 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27

```

55 gcagcaacgg ggtgcggcag ggtggggaac gcgggagggg gccagctccc aggaaagctg 60
gtctgcgagc ggccctgcc cggctcccag gtccctgcgc gaccccgccc ttcccagac 120

```

```

cccagccggg ctgccgccc cgtcccggaa gctccagcct gaaccatgtt tttcacttgt180
ggcccaaagt aggccatggt ggtctccggg ttctgccgaa gccccccagt catggtggct240
ggaggcgctg tctttgtcct gccctgcac caacagatcc agaggatctc tctcaacaca300
ctgacctca atgtcaagag tgaagagggt tacactcgcc atgggggtccc catctcagtc360
5 actggcattg cccaggtgaa gctttcagag ccttttccc acagtccact tccccatcac420
cctctctccc agacattaag acatcttctg gccacagtct tctcaaccct tgcctgcaga480
gaagtccctc tgctagtctc atcttttcca ggcaccccaa ggcacttgcc tctcctcct540
ttctttccct gaaatggaag aagcatttct gagagggtc tcccttctct ctctgctttt600
cctctgactt catgagaccc ccaccacacc ttctctacc ctactctggc tacaggtaaa660
10 aatccagggg cagaacaagg agatgttggc ggccgcctgt cagatgttgc tggggaagac720
ggaggctgag attgcccaca ttgccctgga gacgttagag ggccaccaga gggccatcat780
ggccacatg acttgtggga gggttgggct taga 814

```

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3039 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

```

gaactgagat attgtaatca aatagttaac atcaggaagt taatttggct ggcaaaattc 60
40 tagggaaact tggccagaaa actggtgttg aaggcttttg ctcataaaa caagtgccat 120
tgagtttcaa atgaccagca aatatattta gaacccttcc tgttttatgt ctgtacctcg 180
tccacccctc aggtaatacc tgcctctcac aggtacagct gtttcttgga aatccctcaa 240
ccaaatagca gttttcctaa cttgattagc ttgagctgac agactgttag aatacagttc 300
tctggccaca gctgatgagg gctttctgta ctgcacacag attgtgtact gcaccccggt 360
45 ccagggtgact ggtaccact cgagttgtgc cgtgcaaaac ctgtccagta tatgcatgtg 420
gtggccctac tgactggtaa tggttagagg catttatgga ttttaagctt tgaggaaaaa 480
ccatgacttt taacaaattt ttatgggtaa tatgcctaaa cccttatgcc acatagtggg 540
aaataattat gaaaaatggg ctgttcataa ttggtaggtg ccttttgatg gcagggagca 600
taattattgg tttattatgg taattatggg gattttttaa atatcatgta atgttaaaac 660
50 gttttctaac agtttactgt tgcttatctc caagatatta tggaaattaag aatttttcca 720
gatgagtgtt acatagattc tttgaattta gtataaaagt actgagaatt aagtttgtac 780
ttccataaagc ttggatttta aacactgata gtatctcatg agtaatgtgt gttttgggag 840
agggagggat gctgattgat atttcacatt gtatgaaata ccatgtttga aactcatagc 900
aataatgcta tgctgttgtg atccctctca agttctgcat ttaaaatata ttttttcttt 960
55 ataggaattg atgtatacca tgaagtcatt gtcagttgta gtagctctga tgttgaaatga1020
gatcatgtgt tttagcattc cattttactg actagggtag aagaacactt ttcttggtcta1080
catttgaggg ataccagggg agtcttgggt gttccttctc tggggaagca aacattttcac1140

```

```

tagtctcttt ttttcatcct tttaattgta aattaaggat tactcaagct caccattatt1200
caagattggg actcgcttcc cagtcgacac tctgccctgc ctgtcattgc tgcaaagagc1260
tgctgctttg ccaacctaaag caaagaaaat acggcttctc ttgcattatt ttcccttttg1320
gttggtttgt tttctagaag tacgttcaga tgctttgggg aatgcaatgt atgatttgct1380
5 agctctctca ccacttaact cactgtgagg ataaatatgc atgctttttg taattaactg1440
gtgctttgaa aatctttttt aagggagaaa aatctcaacc aaagtattgc tcatccagac1500
aagctgacct ttgagttaat ttcagcaca ctcatcttc agtgcctcat gactgaaaac1560
aaaaaaca aaacgaaag catcttcaca atgaagcttc cagatagcac cgttttgcta1620
aaagatacat tctcattgtt ttccaacagt gatggcttcc acataagggt aaacaaacta1680
10 ggtgcttgta aataatttat tacagtttac tctatcgcat ttctgtaaca tgaaatgc1740
gcccttcttc aggggaagac tgtggtcaag ttaaaaaaaa aaaacaatat taaacaacat1800
gaaactgcag tctgtttttg aaaatgagaa tgccttaagt gattcagaag agaggaggga1860
agttgtgcac tctgaaaatg catgaaaaac aaaggcaaaa actagtggga aatgtgtaga1920
actgttaact gagacggctt cgagctcttc ttctggaatc tgtaaattt cacaagtca1980
15 tgagggtaaa tggagaaaat atttctggga ttacaatgaa tgtaagcca aattgtggaa2040
ttgccagtaa cctggatggg gaaaagcatt tcccatagca ctccatgtaa tatgagtgc2100
ctgtgagatg ttcatcagtg ttttatagaa atgggtgttc tgggaaacca agtttgcacc2160
tggaaactta caatgcactt tagcgcagta agggcttggc atccggtagt gaaaaactgt2220
ctaaccacgc attgcccaaa ctattttgac accaggacct ttttctcctt tgggatactt2280
20 atgaacctct cactaatgtc ctgtggagaa cattttgga aacactatgt tagatagttc2340
tttaaggaga caaaccggtg atgaacagat agcactgggg cagaatatgc atgcattttg2400
taacgtccag tgtggcggtg aatagatgtg tatctctcc cctgcagaaa ataagcacag2460
aaaattataa tgtagggtat cggagctctt tcctttgata gagagaacag ccccaatgat2520
cctggctttt tcaactgaac tatcagaata catggatgaa ttggggtaaa taaggtttta2580
25 attcagatct agaagaaagt attgtacgtt tgaatgcaga tttttatcca cagatagttg2640
tagtgtttag acatgacagg acctatcggt gaggtttcta agacttacta tgggctgtaa2700
acctgttttt taaaactatt ttagaaacct gagacttgcc gtctggcatt ttagttta2760
acaaactaat gattgcattt gaaagagatt cttgacctta tttctaaacg tctagagctc2820
tgaaatgtct tgatggaagg tattaacta tttgcctgtt gtacaaagaa atgttaagac2880
30 tcgtgaaaag aattactata aggtactgtg aaataactgc gattttgtga gcaaaaacata2940
cttggaatg ctgattgatt tttatgcttg ttagtgtatt gcaagaaaca cagaaaatgt3000
agttttgttt taataaacca aaaattgaac ataaaaacc 3039

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1448 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29

```

taccaatctg aagggggaag cggcgcgcgc atcgccctccc ggcgctccct ccccgactcc 60
taagtccttc ggccgccacc atgtccgcct cggctgtctt cattctggac gttaaggcca 120
agccattgat cagccgcaac tacaagggcg atgtggccat gagcaagatt gagcacttca 180
5 tgcctttgct ggtacacggg gaggaggaag gcgccttggc cccgctgctg agccacggcc 240
aggtccactt cctatggatc aaacacagca acctctactt ggtggccacc acatcgaaga 300
atgccaatgc ctccctgggtg tactccttcc tgtataagac aatagaggta ttctgcgaat 360
acttcaagga gctggaggag gagagcatcc gggacaactt tgtcatcgtc tacgagttgc 420
tggacgagct catggacttt ggcttcccgc agaccaccga cagcaagatc ctgcaggagt 480
10 acatcactca gcagagcaac aagctggaga cgggcaagtc acgggtgccca cccactgtca 540
ccaacgctgt gtccctggcgc tccgagggta tcaagtataa gaagaacgag gtcttcattg 600
atgtcataga gtctgtcaac ctgctgttca atgccaacgg cagcgtcctt ctgagcgaaa 660
tcgtcggtag catcaagctc aaggtgtttc tgtcaggaat gccagagctg cggctgggcc 720
tcaatgaccg cgtgctcttc gagctcactg gccgcagcaa gaacaaatca gtagagctgg 780
15 aggatgtaaa attccaccag tgcgtgcggc tctctcgctt tgacaacgac cgcaccatct 840
ccttcatccc gcctgatggt gactttgagc tcatgtcata ccgcctcagc acccagggtca 900
agccactgat ctggattgag tctgtcattg agaagttctc ccacagccgc gtggagatca 960
tggtcaaggc caaggggcag tttaagaaac agtcagtggc caacggtgtg gagatatctg1020
tgctgtacc cagcgatgcc gactccccca gattcaagac cagtgtgggc agcgccaagt1080
20 atgtgccgga gagaacgctc gtgatttggg gtattaagtc tttcccgggg ggcaaggagt1140
acttgatcgg agcccacttt ggccctcccc gtgtggaaaa ggaagagggt gagggccggc1200
ccccatcgg ggtcaagttt gagatccctt acttcaccgt ctctgggac caggtccgat1260
acatgaagat cattgagaaa agtgggttacc agggccctgc cctggggttt cgctacattc1320
accagagtg ggcgattacc aactttcgtt accagctagg aaggggagaa gagatggggg1380
25 ggttttaaca cggggtttgc ttacagccc cggatgcaga tttttagaag ggagggcagg1440
tgccgggtt 1448

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1394 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

```

atgaatacaa ggctgcaagt ggaacatcct gttactgaga tgatcacagg aactgacttg 60
gtggagtggc agcttagaat tgcagcagga gagaagattc ctttgagcca ggaagaaata 120
actctgcagg gccatgcctt cgaagctaga atatatgcag aagatcctag caataacttc 180
55 atgcctgtgg caggcccatc agtgacacct tctactcctc gagcagaccc ttccaccagg 240
attgaaactg gagtacggca aggagacgaa gtttccgtgc attatgacct catgattgcg 300

```

```

aagtgggtcg tgtgggcagc agatcgccag gcggcattga caaaactgag gtacagcctt 360
cgtcagtaca atattgttgg actgcccacc aacattgact tcttactcaa cctgtctggc 420
caccagagat ttgaagctgg gaacgtgcac actgatttca tccctcaaca ccacaaacag 480
ttgttgctca gtcggaaggc tgcagccaaa gagtctttat gccaggcagc cctgggtctc 540
5 atcctcaagg agaaagccat gaccgacact ttcactcttc aggcacatga tcaattctct 600
ccattttcgt cttagcagtgg aagaagactg aatatctcgt ataccagaaa catgactctt 660
aaagatggta aaaacaatgt agccatagct gtaacgtata accatgatgg gtcttatagc 720
atgcagattg aagataaaaac tttccaagtc cttggtaatc tttacagcga gggagactgc 780
acttacctga aatgttctgt taatggagtt gctagtaaag cgaagtgatt atcctggaaa 840
10 acactattta cctattttcc aaggaaggaa gtattgagat tgacattcca gtcccaaat 900
acttatcttc tgtgagctca caagaaactc agggcggccc cttagctcct atgactggaa 960
ccattgaaaa ggtgtttgtc aaagctggag acaaagtga agcgggagat tccctcatgg1020
ttatgatgcg catgaagatg gagcatacca taaagtctcc aaaggatggc acagtaaaga1080
aagtgttcta cagagaagg gctcaggcca acagacacac tcctttagtc gagtttgagg1140
15 aggaagaatc agacaaaagg gaatcggaat aaactccagc aaggaaatgg ccagttaagt1200
agtgtcttct ctctccacca aaaagaggaa gtgcctccag cttttctggg ggtctcataa1260
agagcagttt tactaaatga ttgtatgctt atgctgaaca cttttcatat tggagaatca1320
tgcatattggg tactaatta tctcaaaaata tttcatacta ataaagttga attatttttt1380
attggaagcc aaaa 1394
20

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 734Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 35 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

```

45 gccgacaaga tggtcttctg gctcttccg gctgcggggc gagtagtcgt ccgacgtctg 60
gccgtgagac gtttcgggag ccggagtctc tccaccgcag acatgacgaa gggccttggt120
ttaggaatct attccaaaga aaaagaagat gatgtgccac agttcacaaag tgcaggagag180
aattttgata aattgttagc tggaaagctg agagagactt tgaacatata tggaccacct240
ctgaaggcag ggaagactcg aaccttttat ggtctgcac aggacttccc cagcgtgggt300
50 ctagttggcc tcggcaaaaa ggcagctgga atcgacgaac aggaaaactg gcatgaaggc360
aaagaaaaca tcagagctgc tgttgacgag ggggtgcaggc agattcaaga cctggagctc420
tcgtctgttg agtggtatcc ctgtggagac gctcaggctg ctgcggaggg agcgggtgct480
ggtctctatg aatacgtatg cctaaagcaa aaaaagaaga tggctgtgtc ggcaagctc540
tatggaagtg gggatcagga ggcctggcag aaaggagtcc tgtttgcttc tgggcaagaa600
cttgggcacg ccaatttgat gggagacgcc agccaattga gattgacgcc aaccagattt660
55 tgccgaaatt atttgagaag attttcaaaa ttggtagtta gttaaaaccg aggtcctttt720
cagaccccaa tttt 734

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
5 (A) LÄNGE: 692 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

25 tgcagcgcgt gcgtgctgcg ctactgagca ggcgccatgga ggactctgaa gcactgggct 60
tcgaacacat gggcctcgat ccccggtcc ttcaggctgt caccgatctg ggctggctcgc120
gacctacgct gatccaggag aaggccatcc cactggccct agaagggaag gacctcctgg180
ctcggggcccg cacgggctcc gggaaagcgg ccgcttatgc tattccgatg ctgcagctgt240
30 tgctccatag gaaggcgaca ggtccggtag tagaacaggc agtgagaggc cttgttcttg300
ttcctaccaa ggagctggca cggcaagcac agtccatgat tcagcagctg gctacctact360
gtgtcggga tgtccgagt gccaatgtct cagctgctga agactcagtc tctcagagag420
ctgtgctgat ggagaagcca gatgtgtag tagggacccc atctcgcata ttaagccact480
tgcagcaaga cagcctgaaa cttcgtgact ccctggagct tttgggtgtg gacgaagctg540
35 accttctttt ttcccttttg ctttgaagaa gagctcaaga agtcttcctc tggtcacttt600
gcccccgat ttaacaagg cttttctcat gtcagctact ttaacgagg acgtacaagc660
actcaaggag ctgatattac ataagccggt at 692

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 571 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
45 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

10

```
ctgccacgca cgactgaaca cagacagcag ccgcctcgcc atgaagctgc tgatggctct 60
catgctggcg gccctcctcc tgcactgcta tgcagattct ggctgcaaac tcctggaggal20
catggttgaa aagaccatca attccgacat atctatacct gaatacaaag agcttcttca180
agagttcata gacagtgatg ccgctgcaga ggctatgggg aaattcaagc agtggttcct240
15 caaccagtca catagaactc tgaaaaactt tggactgatg atgcatacag tgtacgacag300
catttggtgt aatatgaaga gtaattaact ttacccaagg cgtttggtc agagggctac360
agactatggc cagaactcat ctgttgattg ctagaaacca cttttctttc ttgtgtgtgc420
tttttatgtg gaaactgcta gaaactgtt gaaacctcaa attcatttcc atttcaataa480
actaactgca aatcacaaaa aaaaaaaaaa gtcgacg 517
```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 322 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

```
tcaagctgtg ggtgagaagc tctctagcag ggactctgac cttatggagg atcgctgttt 60
ccccatttt tccttttcac ccaaaaaagt cctgcttctg tcacccttca aacagcctgt120
gagcctaaat ttttgaggcc atgggacaga caaggacccc gtcttcagct gaactaaggal80
aaagtccctgc gacatctttg gccatcaaac tccaaccag tcaccaacc agagcctctg240
aggaatggcc ccttcttgcg gggaaccctt tacaatgggc ctcttgactg atgtttcccc300
50 aaaacagtgc ccctgtcatc ag 322
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1559 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

```

gcacgagttg agagtgagtg tgtgtgtgtg cgtgtgcacg tgcacacatg tgcacggttg 60
tatgtatggg aaataaactt ataaatgggg acgtattgga gaaggaaata catagacctt 120
caactttgag caaatagcag tgatgtttta ggaactgaaa tgtcacactt aaagtcttca 180
gcccagctac ttccctatgt ttggcgggga gaagaggggc tgattagaac tgttctggtt 240
gtgtttggcg ggagggggaat aatttttgtt cagtccttct tagtgaccaa actttaattt 300
ttaagaataa tatattgact tactgaactg aagcattctg agttgaaagg agctccagag 360
gagtggagtt ctgtgttgct cacatgttaa aagccttgctc accttcagag cagaggggaat 420
acctatcttc agatatccgc ccattttcat ctcttcatta tagtcaaaca gtgtgacttg 480
agagtgttgc tctggtgtct gtattctggc ttatgaagat tatttgaata agaactctta 540
ctacattgaa atgcagactt ttaaaaattt aaatatggga ttaggcagtc aaaaaaccaa 600
acaagcataa aaggtcaata agttgtaatc ttaaaagtaa aggtggaaaa ctctattataa 660
atggaagaaa agttttgatt tccttttttg tttgatgggc agtatgccat attataccca 720
aagttctttt aaaaaatatt tccatcaacc atttttattt aaaataaaca tttgagggaa 780
gttaccaagg cagctttttt cctcaaaagt aacctgttcc tctttggaat agcacatttt 840
aggggcatgg ttaatacctg agatttttac tcagtaaata ctgatggta ctgtgtgtaa 900
aatactttta agtaggattg aaggcctctg tgggggaata aaatattacc aaagtctata 960
aaaataaatt ttacatgttc tcttttatga cagagagcag cactggttct gttattttta1020
aaatgaataa ttgatttctt gataggtgtt taatatattc tccctcactg ctgattctta1080
gatagaaacc attctttata tttgatagac tgctttcaga aaacccttat caacaagtgt1140
acaatactta tctaaaacta tacatttaga atggagcagt ttaatactag atctcagaag1200
ttttgaaaaa tagcaaagaa gactggattt ggaaagcatg gtctacaatt ggttggttaa1260
ttctgaagct atgaagaata aatgtttcaa ctttgatta tgaaacccca tttatgattt1320
45 tttaaataca cttgaaataa aaatgattaa actaaatttt ggtccagtga cattactttg1380
cactgcataa tccattatac gttgtacgac tttttttttt ggtttgaatt aataactgag1440
agttttgtgt gaagctacgg catatctaac cggagaattt cggatgcctt atacggtgat1500
tatattatat gggggcattt gtagtgcagc ggaagacgga atttatgcct ttgggaaac 1559

```

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1072 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

```

20  cacacgtgct gacggcgggg acattcacat ccataagaag aaatctcagc aagtgttcgc 60
    gtccccagct aaacacccca tggacagcaa gggggaggag tccaagatca gctaccccaa 120
    catcttcttc atgattgaca gcttcgagga ggtgttcagc gacatgaccg tagggaagga 180
    gagatggtct gtgtggagct ggtggctagt gacaaaacca acacgttcca gggggtcatc 240
    tttaagggtc ccatccgcta cgaggcgctc aagaagggtg atgacaaccg ggtgagcgtg 300
    gccgcccga tggcacagaa gatgtcgttt ggcttctaca agtacagcaa catggagttt 360
25  gtgcgcatga agggcccca gggcaagggc cagcccgaga tggcggtcag ccgagtgtct 420
    acaggtgaca cagccccctg tgggactgaa gaggactcca gccagcttc gccatgcac 480
    gagcgggtga cctccttcag cagaccccc accccagaac ggaacaaccg gcctgccttc 540
    ttctcccat ccctcaagag gaagggtgcc cggaaccgga tcgctgagat gaagaagtcg 600
    cactcgcca acgacagcga ggagttcttc cgggaggacg acggtggagc cgatctgcac 660
30  aatgcaacca acctgcggtc tcgggtccctg tcgggcacag gacggtccct ggtcgggtcc 720
    tggctgaagc tgaacagagc agatggaaac ttcttctct atgcacactt aacctacgtc 780
    acgttgccgc tgcacggat tttaacagac atcctggaag tcgggcagaa gccatcctg 840
    atgacctagc cgcgtgcgga gcctgcgcag agccccggcc gggcccagcc ctcgagtgcc 900
    tgccaagtgc ctacctgtcc accgccaccg gggctctgca tggcacgcca gtgttgagc 960
35  cgcagccagg cgaggccact cgactgccg ggcggggcc gactgcacga acaccagccc 1020
    aaactgaagt gcctctgacg ggccctgctg gcgctgcttc cgccctgtgc cc 1072

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 454 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

10 gtgctgcatg gaggtagtg cgccatccac cgtgaggagg agaggagctc tgataccctc 60
 aggacccgcc aggggggca tcacggaggc ttctggacga cttggagctg tgcctgggg120
 agaaaaccgc tcctgtgtgg gccctgagtg ctgaggagga agctgccatg cacttttccc180
 tggcattttt cctgcatggt tcgtctgttt tttgcaaata aacatgttgt catgaatttt240
 tatgcatgag gcatatttca tcatgtctgt atgtgaagt ccccttcac ctttcaattg300
 gttggtggac agggagagga ggtccaaggt gccctacatc gtgcgccagt gccgtgggag360
 gagatcgagc gccgaggcac ggaggagggt ggcattctacc gcatgtctgg ggtggccgca420
 15 gacatccagg cactgaaggc agccttcaac gtca 454

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20

(A) LÄNGE: 700 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

40

cttgtcggag ccctaaccag gggatatctt gagcctgggt ggatccccgg agcgtcacat 60
 cactttccga tcacttcaaa gtgggttaaaa actaatatct atatgacaga agaaaaagat120
 gtcattccgt aaagtaaaca tcatcatctt ggtcctggct gttgctctct tcttactggt180
 tttgcaccat aacttcctca gcttgagcag tttgttaagg aatgagggtta cagattcagg240
 45 aattgtaggg cctcaaccta tagactttgt cccaaatgct ctccgacatg cagtagatgg300
 gagacaagag gagattcctg tggatcatgc tgcattctga gacaggcttg ggggggcat360
 tgcagctata aacagcattc agcacaacac tcgctccaat gtgattttct acattgttac420
 tctcaacaat acagcagacc atctccgggt ctggctcaac agtgattccc tgaaaagcat480
 cagatacaaa attgtcaatt ttgaccctaa acttttgtaa ggaaaagtaa agggagatcc540
 50 tgaccagggg gaatccatga aacctttaac ctttgcaagg ttctacttgc caattctggg600
 ttcccagcgg caaaggaagg cccgtttaca tggggttgat gatgttattt gtggcagggt660
 ggattttttg ccctttacat tacagcagtg aggccggggc 700

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 914 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

25 ccggcctgcg gtgggcagca gctcaggttc tccaaatcat tgcgtagttc cgaataccct 60
 cgccacacacc tggccttctc catgctcggga ataacttcct gcagcgacca acaggctaaa120
 gagggggaag ggatccagca ccggctcctc ctccggcaac cacggtggga gcggcgagg180
 aaatggacat aaaccgggt gtgaaaagcc agggaaatgaa gcccgcgga gcgggaaatc240
 tgggattcag ggcttcagag gacagggagt ttccagcaac atgagggaaa taagcaaaga300
 30 gggcaatcgc ctcttgagg gctctggaga caattatcgg gggcaagggt cgagctgggg360
 cagtggagga ggtgacgctg ttggtggagt caatactgtg aactctgaga cgtctcctgg420
 gatgtttaac ttgacactt tctggaagaa ttttaaatcc aagctgggtt tcatcaactg480
 ggatgccata aacaagaacc aggtcccgcc cccagcacc cgagccctcc tctacttcag540
 ccgactctgg gaggttttca aacagaacac tcctttctc aactggaaag caattattga600
 35 ggggtgcggac gcgtcatcac tgcagaaacg tgcaggcaga gccgagtcag aactacaatt660
 acaaccagca tgcgtatccc actgcctatg gtgggaagta ctcagtcaag acccctgcaa720
 agggggggag tctcaccttc ttctcggct tcccggtgc aacctgggcc tgcttgagc780
 tgggtgaagt tttggttaag caatttcttg caaccaacca ccgaaggccc cggaaaaagc840
 actgggttcg tcaagggaag ctcttcccc ctttggggcc ccagccttg tggcaggccc900
 40 ctgggcccg gttg 914

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 1669 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partiell cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

```

gagctgcagc agagcaggta acagctcttg cacctgtttc tcttgcacct gacgtgcagc 60
tgctcctacc cacctctcct ggctgagcct tgcttgatag agcagcccg aggcaccact 120
15 tgcttcccga gtctcaccct cccaggcagc tcctacactc aactgcttct ctaggaaagg 180
tctcacctcc agcctggagc agtcgggatt acagaaagcc ccctccttgg cttagggagc 240
gccatgacga ctgaaattgg ttggtggaag ctgactttcc tccggaaaaa gaaatccact 300
cccaaagtgc tgtatgagat ccctgacacc tatgccccaa cagagggaga tgcagaaccc 360
ccgaggcctg acgctggagg ccccaacagc gactttaaca cccgcctgga gaagattgtg 420
20 gacaagagca caaagggcaa gcacgtcaag gtctccaact caggacgctt caaggagaag 480
aagaaagtga gagccacgct ggcagagaa cctaacctct ttgatgatca cgaggaagga 540
cggctcatcaa agtgaagggc tgaggagggt gctagcacct cttgggtccc tgccatcagc 600
cagatctgag acaggacctt gccacgctgg cctctttggc catagctgaa gctgtggggc 660
cagttgatac ctgctggcag gaaatggctg ttttttaggt ttgtatttat gtgccggcac 720
25 ttttgtaagg cctgggagat cccagggtcc tccacctcc ccctgaccac atacaaaggc 780
actctagttc aagagtgaag agtctcacc aggaggaaca gccctccttg aagcaatggc 840
agggccagca gggaggtggg catggcaggg aatggagaga gtgagccaga cagacttcac 900
ctccttactg gacacagggt caaggcgag tttcaattgc tgctcccttt actttctcta 960
cctgtgacta ctccctggac caatcctgag gagggcacat tttccagaag ccactgata1020
30 ggggctggtt tctgtggagc cagaggcaga gacactgaac ttgagctcac ctctaacac1080
cggcagtaaa cttcctggaa ctttgcctc aggtgcggag gggacagagg accctggcac1140
tctgttaggg tgctgtagaa gactagattg atggtagttt ggctgttag ttctgtttt1200
ggccatgact tttgcagatg gcaagtcaca caccctcaaa gggaagctac acgggccaaa1260
tcgggggagt ggggtgggaa ttttctcctc tccctttcct actataatag tatttaagac1320
35 atatcagctc cagagatgag tctggagcc ttgaattttg ttaacaaaa taattgtagg1380
tttctctctg taataacaac gctggaaagg cagagaacct cttttatgct catgtcttgc1440
atttattgag atgactgttt ctcatgcctt tatgttcctt catgtaagta aagtggacct1500
ttgtgctcaa aaaaaaatt tcaagcttca ggaagggtt cccaagggtg gacaatgtag1560
gaacctgggt cactaatttt taccatcaaa cctagcctta gtatggggat ggggcaagca1620
40 gaaggagcta gttacacctc agtggtcagt tctctccagt caacagaga 1669

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 355 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

```

10 ccggcctccc ctcgctctga ggctcggggg ccccagctcc gcgtaaactg cacgatttcg 60
   ccctctgctc agctcccttc tgccccctct ttccaagaga gacttccaga tcccacattt120
   tcttgactga ttttgaagct gtctgtttgc attctgattg ggaacactgg gatcattttc180
   atcatgccga cagtgggtgg aatggatgta tccctttcca tgaccgcacc tgtgtctatt240
   gaggggtccg aggaatacca gcgtaagacc tagcagccca tggtttaacg atgcttgttt300
15 tgagcacatg gccacaaatt acaagcttga atttacagca cttgtggttt tttca 355
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2628 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:42

```

40 ggggtgcgct gctttcgccc tctttctcca gcgggagggg cgcggacttc cgcggggcgg 60
   agtccgtcta gtgctgacgt tggcagccga acccaaagta gatcgaggcg gcgggctgca 120
   cattcccggt gttgcgttgc gtttctcttc tctttcactc cgcgctcacg cgcggcgcca 180
   aagcggcggc gacggcggcg cgagaacgac ccggcgccca gttctcttcc tcctgcgcac 240
45 ctgccctgct cggtcagtca gtcggcgccc ggccgcccgc ttgtgctcag acctcgcgct 300
   tgccgcccgc aggccagcg gccgtagcta gcgtctggcc tgagaacctc ggcgctccgg 360
   cggcgccggc accacgagcc gagcctcgca gcggctccag aggaggcagg cgagtgcgag 420
   agtccgaggg gtggccgggg cagggtggtg cgccgcgaag atggctcgcca agcaaaggat 480
   ccgtatggcc aacgagaagc acagcaagaa catcaccag cgcggcaacg tcgccaagac 540
50 ctcgagaaat gcccccgaag agaaggcgct tgtaggacct tggttattgg ctctcttcat 600
   ttttgttgct tgtggttctg caattttcca gattattcaa agtatcagga tgggcatgtg 660
   aagtgcactg ccttaagatg tttccattct cctgtgaatt ttaacttgaa ctcatctctg 720
   atgtttgata ccctggttga aaacaattca gtaaagcatc ctgcctcaga atgactttcc 780
   tatcatgctt catgtgtcat tccaaggttt cttcatgagt cattccaagt tttctagtcc 840
  
```

```

ataccacagt gccttgcaaa aaacaccaca tgaataaagc aataaaatth gattgttaag 900
atacagtagt ggaccctact tattcagtc attaagagta agttttttta tgtgggttatt 960
aaaacagtat gaacaattag tctaactctg catagacagg gtctagattt tgttaaccca1020
aatgtataac tgcagtttagc ttaaattaca atttgaagtc ttgtgggttt tatatagcta1080
5  ggcactttat tactcttttg aactgaaagc acactccctt ataggttcat gtaactgtcc1140
tghtaataagg tgcttataaa tggaacaact acacagccta gttttgccac aaccttttagc1200
atctaaaaag ttttaaaagc ttctaaatgt ctaataataa gggagatgct tatagccaca1260
acatctatth taccaatatt gtttccatta cactaccttg gattttgcat gagtgaagtat1320
agtaacccaa gatgccataa aaaaaaactt gatcgthttc tgacttaatc agttactgtg1380
10 gtttactaa aagctaccgt ggtggagtga agtcagtcag ggaaggthttg tttatgttac1440
atthatttca ccagaactat tthaatatat caaaggggtt tactatgcca aaaaaatthc1500
tagggaaaaa tactgctaaa aatggatgcc tcatacagaac atgctgttga gtccaatgtg1560
ccataagaca ttttagcatg ttaaatagca cthttaatag caaaaaaagg cacatcaact1620
gcgaagttat ccttagthttg caaatgctth ttctagatta atgattthttc aatcattagg1680
15 gtactagaca catcagccta aagtggcatc tggaattgaa tggattthact gataatgatc1740
agthcttagt cthccctthg ttatatgact ttataggtta tgattgatca aatthacgtt1800
thactaatgg taagggtgag ggtcataggg caggtthttg gthttctagt actgttgaaa1860
actgcaagta ttggctatth gtatacttag ccataacttg gtgaaaaaaa acctgagcag1920
tgtctatgta ttaatgcgtt ggaaagaaag ctgctthgtt ttgctthgtt aattgcctca1980
20 ggatathttct ttaaaaataa gctgthttta gaggaacaga agggaaatct gctacctagt2040
ctatacacag cgtgaacctc acagggggct tctgataccc tcaaacatgg agaacagtaa2100
gggagcagag tggthtaagga cthtcaggaa cthtaactat ctggaataag gaatgaatca2160
actgaccttg ggccagcagg thtttaacta aatthgttact tgctthttct acccagthta2220
tcagthctctg tactthgtthc cththttgaa acaagthgtt tggthtaacta atthctgthtt2280
25 atgththgtg taaatthcata gcaggtgcct ththctthtg ththtagtcaa accatthccat2340
atcagaatth thctthgtth actatagata ththggctth agthgtthgtt tgtgththtt2400
aatgtacaat gthctgataa atthgactgt taaatthgcta tagctagcaa thctthttaca2460
tatgtaaaat tgcattccct thgtatthca tgtgtaatth accaatthaa tgcagthttat2520
atthcagthtg gattatgcat gththagthaa acgaaagctg thctthactt gattthattct2580
30 ttaaaaataa agthccctga atatthgaaa aaaaaaaa aaaaaaaa 2628

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 35 (A) LÄNGE: 2535 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43
- 55 agttcggcac agggggagga acctggccct gggaggaggc tgttgctgct tcctacagaa 60
tcccgttctg aagggaagag catgtttgct ggcgtcccca ccatgctgta gagctcccc 120

```

aaacagtaca tgcagctcgg aggcagggtc ttgctgggtc tgatgttcat gacctcctt 180
cactttgacg ccagcttctt ttctattgtc cagaacatcg tgggcacagc tctgatgatt 240
ttagtggccca ttggttttaa aaccaagctg gctgctttga ctcttgttgt gtggctctt 300
gccatcaacg tatatttcaa cgcttcttg accattccag tctacaagcc catgcatgac 360
5  ttctgaaat acgacttctt ccagaccatg tcggtgattg ggggcttgct cctggtagtg 420
gccctgggcc ctgggggtgt ctccatggat gagaagaaga aggagtggta acagtacag 480
atccctacct gcctggctaa gaccctggc cgtcaaggac tgggtcggg tggattcaac 540
aaaactgcc a gcttttatgt atcctcttcc cttccctcc cttggtaaag gcacagatgt 600
tttgagaact ttatttgcag agacacctga gaatcgatg ctcagtctgc tctggagcca 660
10  cagtctggcg tctgacctt cagtgcaggc cagcctggca gctggaagcc tccccacgc 720
cgaggctttg gagtgaacag cccgcttggc tgtggcatct cagtctatt tttgagttt 780
tttgtggggg tacaggagg ggcttcaag ctgactgtg agcagacgca ttggtattat 840
cattcaaagc agtctocctc ttatttgtaa gtttacattt tttagcgaaa ctactaaatt 900
atthttgggtg gttcagccaa acctcaaaac agttaatctc cctggtttaa aatcacacca 960
15  gtggctttga tgttgtttct gcccgcatt gtattttata ggaatagtga aaacatttag 1020
ggacacccaa agaattgatgc agtattaaag ggggtgtaga agctgctgt tatgataaaa 1080
gtcatcggtc agaaaatcag cttggattgg tgccaagtgt tttattgggt aacacctgg 1140
gagttttagt agcttgaggc aagtgaggg ggcaagaagt cctggggaa gctgctggc 1200
tggggtgctg tgccctcaa gctggcagtg ggaagggtg gtgagaccac acaggggtag 1260
20  cccacagcagc agcaccctgc aagccagctc ggcagctgc tcagaccagc ttgcagagcc 1320
gcagccgctg tgggcagggg gtgtggcagg agctcccagc actggagacc cacggactca 1380
accagttac ctcacatggg gcctttctg agcaaggctc cgaaagcgca ggccgacctg 1440
gctgagcagc accgcccctt cccagctgca ctgcccctgt ggacagcccc gacacaccac 1500
tttctgagg ctgtcgctca ctcagattgt ccgtttgcta tgccgaatgc agccaaaatt 1560
25  cctttttaca atttgtgatg ccttaccgat ttgatcttaa tctgtattt aaagttttct 1620
aacactgcct tatactgtgt ttctctttt gggggagctt aactgctgt tgctccctgt 1680
cgtctgcacc atagtaaag ccacaagggt agtcgaacac ctcttgcc cctagacct 1740
tctggggaca ggctggctca gcctgtctc agggctgctg cggcccagcc ccgagcctgc 1800
ctccctcttg gcctctcatc cattggctct gcagggcagg ggtgaggcag gtttctgctc 1860
30  ataagtgtt ttggaagtca cctaccttt taacacagcc gaactagtcc caacgcgtt 1920
gcaaataatc ccctggtagc ctacttctt accccgaat attggtaga tcgagcaatg 1980
gcttcaggac atgggttctc ttctctgtg atcattcaag tgctcactgc atgaagactg 2040
gcttgtctca gtgtttcaac ctcaccagg ctgtctcttg gtccacacct cgctccctgt 2100
tagtgccgta tgacagcccc catcaaatga ccttgccaa gtcacggtt ctctgtgtc 2160
35  aaggttggtt ggctgattgg tggaaagtag ggtggaccaa aggaggccac gtgagcagtc 2220
agcaccagtt ctgaccagc agcgcctccg tcctagtggg tgttctgtt tctcctggcc 2280
ctgggtgggc taggcctga ttcgggaaga tgcctttgca gggaggggag gataagtg 2340
atctaccaat tgattctggc aaaacaattt ctaagattt tttgctttat gtgggaaaca 2400
gatctaaatc tcattttatg ctgtatttta tatcttagt gtgtttgaaa acgttttgat 2460
40  ttttggaac acatcaaat aaataatggc gtttgttga aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2520
aaaaaaaaa aaaaaa 2535

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 805 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

```

ggcacgagcg gcacgagcca tctccatccc cggagcatct gtatgattca gaagtacaac 60
cacgatgggg aagcagggtcg gctggaggct ttagccaag gggaaagtgt cctaaaggaa120
10 cccaagtacc aggaagagct ggaggacagg ctgcatttct acgtggagga atgtgactac180
ttgcagggct tccagatcct gtgtgacctg cacgatggct tctctggggg aggcgcgaag240
gcggcagagc tgctacaaga tgaatattca gggcggggaa taataacctg gggcctgcta300
cctggtccct accatcgtgg ggaggcccag agaaacatct atcgtctatt aaacacagct360
tttggctctg tgcacctgac tgctcacage tctcttgtct gccccttgct cttgggtggg420
15 agcctgggcc tgcgaccoga gccacctgtc agcttccctt acctgcatta tgatgccact480
ctgcccttcc actgcagtgc catcctggct acagccctgg acacagtcac tgttccttat540
cgctgtgtt cctctccagt ttccatgggt catctggctg acatgctgag cttctgtggg600
aaaaaggtgg tgacagcagg agcaatcatc ctttccctt tggctccagg ccagtcctt660
cctgattccc tgatgcagtt tggaggagcc accccatgga cccactgtg tgcattgtgg720
20 gaggcctctg gaacacgttg ctttgcccag tcagtgggtg tgagggggta tagacagagc780
atgccacaca agccacagac ttaat
805

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1279 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

```

cggaagtagc cgcaggcatg gcggcggtta tgccgctgtt gctctgctcg tcctgttgct 60
cctggggccc ggcggctggt gccttgacga acccccacgc gacagcctgc gggaggaaact 120
50 tgtcatcacc ccgctgcctt ccggggacgt agccgccaca ttccagttcc gcacgcgctg 180
ggattcggag cttcagcggg aaggagtgtc ccattacagg ctctttccca aagccctggg 240
gcagctgacg tccaagtatt ctctacggga gctgcacctg tcattcacac aaggcttttg 300
gaggaccoga tactgggggc cacccttccg gcaggcccca tcaggtgcag agctgtgggt 360
ctgggttccaa gacactgtca ctgatgtgga taaatcttgg aaggagctca gtaatgtcct 420
ctcagggatc ttctgcgcct ctctcaactt catcgactcc accaacacag tcaactccac 480
55 tgcctccttc aaacccttgg gtctggccaa tgacactgac cactacttct tgcgctatgc 540

```

```

tgtgctgccg cgggaggtgg tctgcaccga aaacctcacc ccttggaaga agctcttgcc 600
ctgtagttcc aaggcaggcc tctctgtgct gctgaaggca gatcgcttgt tccacaccag 660
ctaccactcc caggcagtg c ataccgccc tgtttgcaga aatgcacgct gtactagcat 720
ctcctgggag ctgaggcaga ccctgtcagt tgtatttgat gccttcatca cggggcaggg 780
5 aaagaaagac tgggtccctct tccggatgtt ctcccgaacc ctcacggagc cctgccccct 840
ggcttcagag agccgagtct atgtggacat caccacctac aaccaggaca acgagacatt 900
agaggtgcac ccacccccga ccactacata tcaggacgtc atcctaggca ctcggaagac 960
ctatgccatc tatgacttgc ttgacaccgc catgatcaac aactctcgaa acctcaacat1020
ccagctcaag tgggaagagac ccccagagaa tgaggcccc ccagtgcctt tctgcatgc1080
10 ccagcggtag gtgagtggt atgggctgca gaagggggag ctgagcacac tgctgtaca1140
caccaccca taccgggct tcccggtgct gctgctggac accgtaccct ggtatctgc1200
gctgttacat ccactaccag cctgcccagg accggctgca accccacctc ctggagatgc1260
tgattcagct gccggccaa 1279

```

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 1923 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46

```

gcgcaagaca caggaggccc aggccggcag tcaggacatg gcggcgattt gcagattcca 60
40 atctctctgt ttctgcgcg attgaacacc caacattggc gaccgggatc gcggaaagt 120
atggctgtcg tcccgcgct tctctcagga caggacgtgg gatcatttgc atatcttaca 180
attaaagaca gaataccaca gatcttaact aaggttattg atacattgca tcgacataaa 240
agtgaatttt ttgagaaaca cggagaggaa ggcgtggaag ctgaaaagaa agctatctct 300
ctcctttcta aattacggaa tgaattgcaa acagataaac catttatccc ctgggttgag 360
45 aaatttggtg atactgatat atggaatcag tacctagaat atcaacagag tcttttaaat 420
gaaagtgatg gaaaatcaag atggttctac tcaccgtggt tggttgtaga atgttacatg 480
tatcgaagaa ttcatgaagc aattatccag agtccaccaa tcgattactt tgatgtattt 540
aaagaatcaa aagagcaaaa tttctatggg tcacaggaat ccatcattgc tttatgtact 600
cacttgcaac aattgataag aactattgaa gacctagatg aaaatcagct gaaagatgag 660
50 ttttttaaac ttctgcagat ttactgtgg ggaaataagt gtgatctgtc tctctcaggt 720
ggagaaagta gttctcagaa taccaatgta ctaaatcat tggaagacct aaaacctttc 780
atattattga atgatatgga acatctttgg tcattgctta gcaattgcaa gaaaacaaga 840
gaaaaagctt ctgctactag agtgatatatt gttctcgata attctggatt tgagcttggt 900
acagatttaa tattagccga cttctgttg tcctctgaac tggctactga ggttcatttt 960
55 tatggaaaaa caattccatg gtttgtttct gataactacta tacatgattt taattggtaa1020
attgaacagg taaaacacag taatcataag tggatgtcca agtgtggggc tgactgggaa1080
gagtatatta aaatgggtaa atgggtttac cacaatcata tattttggac tctgcctcat1140

```

```

gagtactgtg caatgcctca ggttgacact gacttatatg ctgaactaca gaaggcacat1200
ttaattttat tcaaggggtga tttgaattac aggaagttga caggtgacag aaaatgggag1260
ttttctgttc catttcatca ggctctgaat ggcttccatc ctgcaccact ctgtaccata1320
agaacattaa aagetgaaat tcaggttggg ctgcagcctg ggcaagggga acagctcctg1380
5 gcctctgagc ccagctgggt gaccactgga aaatatggaa tatttcagta cgatgggtccc1440
ctttgacttg atttaggagc tctcagttgc atagaaagat ctggtgagca ccttttcatc1500
cccagaaaag gagcacgtga attgagtcgc ctggcggctc tgtacgcgct cagggaaagct1560
tagcttcttg gtgcccactc acgtgcactg gatgattttt cttttgaaca ttttgcccca1620
ctacactgtt tttggggata gctgggttaa gcaagttaaa gatatttaca tttatattgg1680
10 agatttttaag caactttttt ttcagggtaa atatataatt tcaaagtgtt tttaaatgga1740
ccttaatttt gaagtgggtg gggccaaaaa ataaaggag ggctcctttg aggtaggtac1800
ccttggcctt tcctaaaaag cccctcaatg ggatttagat ccgggggggt ggggttattt1860
tccttggttt ggccatgaaa atccttgga cggccttatg cccttttgaa aaggggggtt1920
15 ttt
1923

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 706 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

```

40 cattttacga caggcgggat tgttttgttg ctgtcagctt tctccgtggg ctgagtttgt 60
ggctgcattt ttatctctgg tggctctgct acggcggcgc agaaatgagg cagaagcggal20
aaggagatct cagccctgct gagctgatga tgctgactat aggagatggt attaaacaac180
tgattgaagc ccacgagcag gggaaagaca tcgatctaaa taagggtgaaa accaagacag240
45 ctgccaaata tggcctttct gccagcccc gcctgggtgga tatcattgct gccgtccctc300
ctcagtatcg caaggtcttg atgcccaagt taaaggcgaa acccatcaga actgctagtgt360
ggattgctgt cgtggctgtg atgtgcaaac cccacagatg tccacacatc agttttacag420
gaaatatatg tgtatactgc cctgggtggac ctgattctga ttttgagtat tccaccaggt480
cttacactgg ctatgagcaa cctccatgag agctattccg tgccagatat ggaccctttt540
50 ccttacagga caaggacacc ggattaggaa cagtttaaaa caagttgggt tcgtagtgtg600
gggttaagtg ggagtttgtt tgtggatggg gtgggaactt tttggggccg ttccagagga660
ttacagagtt atttttattt cggaagttta cgtgatgggt tttccg 706

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 749 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48

gacctatcct catctgtgca aggaggagt gccaactctg gagcccaggc tgttgcttcc 60
tggtctggtg gtgaatcctc catagtctgg tgagtgtagt gcccaactct ggagcccagg120
atggtgcttc ccggtctggt ggtgaatcct ccatagtctg gagatctcag ccctgctgag180
25 ctgatgatgc tgactatagg agatgttatt aaacaactga ttgaagccca cgagcagggg240
aaagacatcg atctaaataa ggtgaaaacc aagacagctg ccaaatatgg cttttctgcc300
cagccccgcc tgggtgatat cattgcttgc cgccccctct cagtatcgca aggtcttgat360
gccccagtta aaggcgaaac ccatcagaac tgctagtggg attgctgtcg tggctgtgat420
gtgcaaacc cacagatgtc cacacatcag ttttacagga aatatatgtg tatactgccc480
30 tgggtgggac ctgattctga ttttgagtat tccaccagc cttacactgg gctatgagcc540
aacctccatg aggagctatt ccgtgccaga tatggaccct tttccttaca ggacaaggac600
accggattag gaacagttta aaacaagttg gggttcgtagt gtgggggtta gtggggagtt660
gtttgtggat ggggtgggaa ctttttgggg ccgttccaga ggattacaga gttattttta720
tttcggaagt ttacgtgatg gggtttccg 749

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 857 Basenpaare

40

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

```

accttaccaa ggggagaaaa aaacctcca ctttggtca ctgtgggttt ggcactaaga 60
ggcacgatat ctgaaggagg tcattccagt tttaaaagta cggacagtgc tgttggaact120
gaccacaaaa atgtattgtt aaaaaaaat tgaaaaccag cagtgatttg ggtccccctg180
10 aaacctctgt gaatcggagg tgggccagg aggggtcagg acgcagcaga aatagtccca240
gaaaggagag acgggtcatg cagcgggctt gtgctttttt gtgtgtgttt gtgtgtttta300
caccatacat ctccaaatga agtatttatt aacaattgta gtgtaagcct gtgataaaat360
agcacaaagg ttctttaaag aagttcactt ttaaggcatc agaaaagtta atgtggcaaa420
cattttaatt aaaacatcag aagtaaattt tattttaaac tttaggcctc tgaatttttc480
15 cagtaaacac agttcagcta tgtggcaaag tcaatgggtg gcatctaaaa tgacttttta540
cattctacaa aaaaataaaa taaaataagg acacagcccc aaacgggtgc acctcttcgc600
ggccgctcca catgcacaga atctactagg atttgtcacg gccgggtggc acccgatttg660
ttttgactat acaacaaact ttttttcaa aagtatttgt tcaggataac tttaaaaata720
atataaaaaat aaacaatgga ttgactttt ccctcaaaat tgaaaagaaa ggggtggggg780
20 gaggtgttaa ccattggcct tttttttttt ggaggggcc cattgggatt gtaaggccct840
ggggttcgag cttttcc 857

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 268 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

```

ccgcgccccg cccccaggca attttaataa taaatcttaa tagatggggg aagagctgcc 60
ttcatcccat acagagaata caatgggtct agactaagta gagattttat ttcagcttaa120
agattctgtt tgatgtctga aattacatgt ttaggcggca tggggaacag gactgttctt180
50 tagcatcagt ttcacaatta ctttaattca ctaggtttca ttcaccttat aattctgaaa240
tttcatcagc agtggggaac agaaaagg 268

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 297 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

```
ctgatgtgca ctctagggtta gtaaccattt ttgtgaaaaa tttagagaaa ttctttgagc 60
agctttccact gaaacactaa aacccaatag ggccaaaggc ccataacctg aggaaacctt120
atattattgct taatccaaca taggctatga aagttttgag tttcctcttg tgtattagaa180
tttcattcct atttgttgta gagagtatag tacggggaat cagtaaatta aatgaagtaa240
actaaagatt acacctttgc tgctggcact aagcgaaaag caaaaccagt ggctgtc 297
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 590 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52

```

acgggtcaaaa tgataactca tgtattttat tccaacaaca tttgggtttat aaaggaatac 60
aaacaggcac aaaacatggt tcagaagatt tattaagtaa acttgctaaa atatggacag120
atacacttag cagtcaaaca gttgaatatt cattgctacc tcattaaagt ttttgtatct180
5 gtattaccag gtccaaacat aaaaaccacc tctgttcaaa aaataaatgt tcagagagct240
gtatgttctt tgttctggta tgtacatttt aaaaaaacac ctctttccag tcttgctaac300
caagaatatt agtcatataa aagaacttag aatttttttc cccaagtaca agctatcttt360
tgctccaaaa cagttctgaa ggtttttattt atattttatc ttatcccagag ggaccaacag420
caggcatacc tttgccaggc cttcttgtag aaagacacag agccgtaaag gcaaaaaataa480
10 aattgcaata aagtatatgg tattgggggc agggagaacc agaaaccctc aaggggacca540
attttttagca cgttcttttt ttagggttta ccctgtggag taagaactag 590

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1714 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

```

ggaaggggaa gtttcgcctc agaaggtctc ctgcgtggtc cgaattcggg ggcgccacgt 60
ccgcccgtct ccgccttctg catcgcggtt tcggcggtt ccacctagac acctaacagt 120
40 cgcgagccg gccgcgtcgt gagggggtcg gcacggggag tcgggcggtc ttgtgcatct 180
tggtacctg tgggtcgaag atgtcggaca tcggagactg gttcaggagc atccggcgca 240
tcacgcgcta ttggttcgcc gccaccgtcg ccgtgccctt ggtcggcaaa ctcggcctca 300
tcagcccggc ctacctcttc ctctggcccg aagccttcct ttatcgcttt cagatttgga 360
ggccaatcac tgccaccttt tatttcctcg tgggtccagg aactggattt ctttatttgg 420
45 tcaatttata tttcttatat cagtattcta cgcgacttga aacaggagct tttgatggga 480
ggccagcaga ctattttatc atgctcctct ttaactggat ttgcatcggt attactggct 540
tagcaatgga tatgcagttg ctgatgatc ctctgatcat gtcagtactt tatgtctggg 600
cccagctgaa cagagacatg attgtatcat tttggtttgg aacacgattt aaggcctgct 660
atttacctg ggttatcctt ggattcaact atatcatcgg aggtcggta atcaatgagc 720
50 ttattgaaa tctggttgga catctttatt ttttcctaat gttcagatac ccaatggact 780
tgaggaggaag aaattttcta tccacacctc agtttttcta ccgctggctg cccagtagga 840
gaggaggagt atcaggattt ggtgtgcccc ctgctagcat gaggcgagct gctgatcaga 900
atggcgagg cgaggagac aactggggcc agggctttcg acttgagac cagtgaagg 960
gcggcctcgg gcagcgcgc ctctcaagcc acatttcctc ccagtgtggt gtgcgcttaa1020
55 caactgcggt ctggctaaca ctgttgagcc tgaccacac tgaatgtagt ctttcagtac1080
gagacaaagt ttcttaaatc ccgaagaaaa atataagtgt tccacaagtt tcacgattct1140

```

```

cattcaagtc cttactgctg tgaagaacaa ataccaactg tgcaaattgc aaaactgact1200
acattttttt gtgtcttctc ttctcccctt tccgtctgaa taatgggttt tagcgggtcc1260
tagtctgctg gcattgagct ggggctgggt caccaaacc ttcccaaaag gacccttatc1320
tctttcttgc acacatgcct ctctcccact tttcccaacc cccacatttg caactagaag1380
5 aggttgccca taaaattgct ctgcccttga caggttctgt tatttattga cttttgccaal440
ggcttggtca caacaatcat attcacgtaa ttttcccct ttggtggcag aactgtagca1500
atagggggag aagacaagca gcggatgaag cgttttctca gcttttgaa ttgcttcgac1560
ctgacatccg ttgtaaccgt ttgccacttc ttcagatatt tttataaaaa agtaccactg1620
agtcagttag ggccacagat tggattaat gagatacgag gggtgttgct ggggtgttgt1680
10 tccgagtaag tgagaaggtg agtggattga ctac 1714

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1340 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54

```

ctcgagccgc tcgagccgaa tcggctcgag ctgaaaaagg gctacctgac cctgtcagac 60
agtggggaca aggtggccgt ggaatgggac aaagaccatg gggtcctgga gtcccacctg 120
gcggagaagg ggagaggcat ggagctatcc gacctgattg ttttcaatgg gaaactctac 180
40 tccgtggatg accggacggg ggctcgtctac cagatcgaag gcagcaaagc cgtgccctgg 240
gtgattctgt ccgacggcga cggcaccgtg gagaaaggct tcaaggccga atggctggca 300
gtgaaggacg agcgtctgta cgtgggcggc ctgggcaagg agtggacgac cactacgggt 360
gatgtggtga acgagaaccc ggagtgggtg aaggtgggtg gctacaaggg cagcgtggac 420
cacgagaact ggggtgtcaa ctacaacgcc ctgcgggctg ctgccggcat ccagccgcca 480
45 ggtaacctca tccatgagtc tgcttctggt agtgacacgc tgcagcgtg gttcttctg 540
ccgcgcgcgc ccagccagga gcgctacagc gaggaaggac gacgagcgca agggcgccaa 600
cctgctgctg agcgcctccc ctgacttcgg cgacatcgct gtgagccacg tcggggcggt 660
gggtcccact cacggcttct cgtccttcaa gttcatcccc aacaccgacg accagatcat 720
tgtggccctc aaatccgagg aggacagcgg cagagtcgcc tcctacatca tggccttcac 780
50 gctggacggg cgcttctgtt tgccggagac caagatcgga agcgtgaaat acgaaggcat 840
cgagttcatt taactcaaaa cggaaacact gagcaaggcc atcaggactc agcttttata 900
aaaacaagag gagtgcactt ttgttttgtt ttgttctttt tggaactgtg cctgggttgg 960
aggtctggac agggagccca gtcccgggcc ccatagtggt gcgggcactg gacccccggg1020
ccccacggag gccgcggtct gaactgcttt ccattgctgcc atctggtggt gatttcgggt1080
55 acttcaggca ttgactcaag gcctgcctaa ctggctgggt cgtttcttcc atccgacctc1140
gtttcttttc tttcctatgt tcttttgttc agtgaatgc cctagagctc ctaccatag1200
tcaggcccta tgccctaccc tgagaacgca gtaagcatga aggtggacct gggttgctgg1260

```

gaacccgagg gctaaccccc tttttcttcc caaatgttgg gccttggaag aatcagggtcc1320
agccctgaag atccttgggg 1340

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 765 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55

30 caggattgaa acaagatggc gggttcgtgg tgagaagccg tcaaggagta gaaattggta 60
tgcttagaag cagattctaa aagcagtttc tcttcagaac atcttttttc ataccacttg120
ataagcatct tgaaacacca tggctgtagc tgcagtaaaa tgggtgatgt caaagagaac180
tatcttgaaa catctatttc cagtcacaaa tggagcttta tattgtgttt gtcataaatc240
tacgtattct cctctaccag atgactataa ttgcaacgta gagcttgctc tgacttctga300
tggcaggaca atagtatgct accacccttc tgtggacatt ccatatgaac acacaaaacc360
tatccctcgg ccagatcctg tgcataataa tgaagaaaca catgatcaag tgctgaaaac420
35 cagattggaa gaaaaagttg aacaccttga ggaaggacct atgatagaac aacttagcaa480
aatgttcttt actactaagc accgttggtg tcctcatgga cggatcaca gatgtcgtaa540
gaatctgaat cctccaaaag acagatgatg cggaggttcc tgggggaatc aaagagaaat600
gtgcctcatt tgccatttga gaaaatgcag tctgggtgat tcagtaatat atagtaaagt660
aataatgata aaatatcttt tcatatatta gaatgtgtac ttttatataa agtaattctg720
40 gatttgacat tctcatttag ggggacctat tccttttttc gtttt 765

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1647 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

```

gcagccggag taagatggcg gcgctgaggg ctttgtgcgg cttccggggc gtcgcggccc 60
aggtgctgcg gcctggggct ggagtcgcat tgccgattca gccagcaga ggtgttcggc 120
15 agtggcagcc agatgtggaa tgggcacagc agtttggggg agctgttatg tacccaagca 180
aagaacacgc ccactggaag cctccacctt ggaatgatgt ggaccctcca aaggacacaa 240
ttgtgaagaa cattaccctg aactttgggc cccaacaccc agcagcgcat ggtgtcctgc 300
gactagtgat ggaattgagt ggggagatgg tgcggaagtg tgatcctcac atcgggctcc 360
tgcaccgagg cactgagaag ctcatgtaat acaagaccta tcttcaggcc cttccatact 420
20 ttgaccggct agactatgtg tccatgatgt gtaacgaaca ggcctattct ctactgtgg 480
agaagtgtct aaacatccgg cctcctcctc gggcacagtg gatccgagtg ctgtttggag 540
aaatcacacg tttgttgaa ccatcatggt ctgtgaccac acatgccctg gaccttgggg 600
ccatgacccc tttcttcttg ctgtttgaag aaaggagaa gatgtttgag ttctacgagc 660
gagtgtcttg agcccgaatg catgctgctt atatccggcc aggaggagtg caccaggacc 720
25 tacccttggt gcttatggat gacatttata agttttctaa gaacttctct cttcggcttg 780
atgagttgga ggagttgctg accaacaata ggatctggcg aaatcggaca attgacattg 840
gggttgtaac agcagaagaa gcacttaact atggttttag tggagtgatg cttcggggct 900
caggcatcca gtgggacctg cggaagaccc agccctatga tgtttacgac caggttgagt 960
ttgatgttcc tgttggttct cgaggggact gctatgatag gtacctgtgc cgggtggagg 1020
30 agatgcgcca gtccctgaga attatcgcac agtgtctaaa caagatgcct cctggggaga 1080
tcaaggttga tgatgccaaa gtgtctccac ctaagcgagc agagatgaag acttccatgg 1140
agtcactgat tcatcacttt aagttgtata ctgagggcta ccaagttcct ccaggagcca 1200
catatactgc cattgaggct cccaaggagg agtttggggg gtacctggtg tctgatggca 1260
gcagccgccc ttatcgatgc aagatcaagg ctccctggtt tgcccatctg gctggtttgg 1320
35 acaagatgtc taagggacac atgttgagc atgtcggtgc catcataggt acccaagata 1380
ttgtatttgg agaagtagat cggtagcagc gggagcagcg tttgatcccc cctgcctatc 1440
agcttcttct gtggagcctg ttccctcactg gaaattggcc tctgtgtgtg tgtgtgtgtg 1500
tgtgtgtgtg tgtgtgtatg ttcatgtaca cttggctgtc aggctttctg tgcattgtac 1560
aaaaaaggag aaattataat aaattagccg tcttgcgccc ctaggcctaa aaaaaaaaaa 1620
40 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 1647

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1166 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57

10

```

cgccgcctgc gcggggggga gccagcaca gaccgcccgc gggacccga gtcgcgcacc 60
ccagccccac cgcccacccc gcgcgccatg gaccccaagg accgcaagaa gatccagttc 120
tcgggtgccc cgccccctag ccagctcgac ccccgccagg tggagatgat ccggcgagg 180
agaccaacgc ctgccatgct gttccggctc tcagagcact cctcaccaga ggaggaagcc 240
tccccccacc agagagcctc aggaagggg caccatctca agtcgaagag acccaacccc 300
tgtgcctaca caccaccttc gctgaaagct gtgcagcgca ttgctgagtc tcacctgcag 360
tctatcagca atttgaatga gaaccaggcc tcagaggagg aggatgagct gggggagctt 420
cgggagctgg gttatccaag agaggaagat gaggaggaag aggaggatgc agccaggctg 480
aagtcctgaa ggtcatcagg cagtctgctg ggcaaaagac aacctgtggc cagggtctgg 540
20 aagggccctg ggagcgccca cccctctgg atgagtccga gagagatgga ggctctgagg 600
accaagtgga agaccagca ctaagtgagc ctggggagga acctcagcgc cttccccct 660
ctgagcctgg cacataggca cccagcctgc atctcccagg aggaagtgga ggggacatcg 720
ctgttcccc gaaacccact ctatcctcac cctgtttgt gctcttcccc tgcctgcta 780
gggctgcggc ttctgacttc tagaagacta aggtggtct gtgtttgctt gtttgccac 840
25 ctttggtgta taccagaga acctgggcac ttgctgcctg atgcccacc ctgccagtca 900
ttcctccatt caccagcgg gagtgggat gtgagacagc ccacattgga aaatccagaa 960
aaccgggaac agggatttgc ccttcacaat tctactcccc agatcctctc ccctggacac 1020
aggagaccca cagggcagga ccctaagatc tggggaaagg aggtcctgag aaccttgagg 1080
tacccttaga tccttttcta cccactttcc tatggaggat tccaagtcaa cattgtctg 1140
30 aacggcctgt aacagggttc aggttg 1166

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 35 (A) LÄNGE: 487 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

```

ctcagatcgg tggacgtgct cgcctccact cggggccagg tctatgtccc ggtttcccgc 60
agtcgcgggc agggcgccaa ggcggcagga ggagggtgag cgggtcaagag acctccaggal20
agagcgggctc tcggetgttt gcatcgccga tagagaagag aaaggatgca cgtcccaggal180
5 gggagggaact actccaactt ttcctattca gaaacaaaga aaaaagatta ttcaagctgt240
gagggacaat tcattcctta ttgttactgg aaatacagga agtggtaaaa caactcaact300
cccaaaatat ctatatgaag caggggttttc acaacatggt atgattgggtg taactcaacc360
acgaaaagta gctgctatat cagttgctca gagagtagct gaagaaatga aatgcacttt420
gggatccaaa gtaggatacc aagttcggtt tgatgattgc agttctaagg agacagcaat480
10 caaatat 487

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 15 (A) LÄNGE: 1630 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59
- 35 aaactgtgta atgccccatg taatccataa aattttaact tttccccta acgtttttgc 60
tgaaaaatgt tgggaaaccc tcaacacgcc ttcctgaaaa caattaaaaat acttgaaacc 120
tgtgaacctt tcaaaaaaac ctcagggttg gaaaagaccc ccaaaccttc ttttaaggat 180
catttgtctc gccatcaca ggatccttga aatgtttccc tagggtgtgt aaaaattaac 240
40 ccagggggga atgaagcaca tttttctggc aaccaaactt gagttcctca gagaacagat 300
gcagagagac ctgctcctgc ttgccgggct acaggggcca ctgtggagtc aactgaggc 360
tgtgaccggc cataagcca ggagagcccg tggcagctgt gccgaggcgc caggacctct 420
aagcggaaagc ttccaagct aggaatggag caacactgca atgaaatgtg tccaccaagc 480
tcattgttcc tcccgggtgc ttataaagct cagatgtata gtgacgtatg gacaaataca 540
45 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa gcctttcttt ctacaggca taagacacaa 600
attatatatt gttatgaagc actttttacc aacggtcagt ttttacattt tatagctgcg 660
tgcgaaaggc ttccagatgg gagaccatc tctctgtgc tccagacttc atcacaggct 720
gctttttatc aaaaagggga aaactcatgc ctttctttt taaaaaatgc tttttgtat 780
ttgtccatac gtcactatac atctgagctt tataagcgcc cgggagggaac aatgagcttg 840
50 gtggacacat ttcattgcag tgttgctcca ttcctagctt gggaagcttc cgcttagagg 900
tcctggcgcc tcggcacagc tgccacgggc tctcctgggc ttatggccgg tcacagcctc 960
agtgtgactc cacagtggcc cctgtagccg ggcaagcagg agcaggctct cctgcatctg1020
ttctctgagg aactcaagtt tggttgccag aaaaatgtgc ttcattcccc cctgggttaat1080
ttttacacac cctaggaac atttccaaga tcctgtgatg gcgagacaaa tgatcctta1140
55 agaaggtgtg ggggtctttc caacctgagg atttctgaaa gggtcacagg ttcaatattt1200
aatgcttcag aagcatgtga ggttcccaac actgtcagca aaaaccttag gagaaaactt1260

aaaaatatat gaatacatgc gcaatacaca gctacagaca cacattctgt tgacaagggal320
 aaaccttcaa agcatgtttc tttccctcac cacaacagaa catgcagtac taaagcaatal380
 tatttgtgat tccccatgta attcttcaat gttaaacagt gcagtcctct ttcgaaagct1440
 aagatgacca tgcgcctttt cctctgtaca tataccctta agaacgcccc ctccacacac1500
 5 tgccccccag tatatgccgc attgtactgc tgtgttatat gctatgtaca tgtcagaaac1560
 cattagcatt gcatgcaggt ttcataattct ttctaagatg gaaagtaata aaatatattt1620
 gaaatgtacc 1630

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1272 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

tgcgcgcgag cccgtgtccc caccggcgggc agcagcgggc gcggcgggcg ctgaacggcg 60
 agggggcgga gggagcccg cggcgcgcca gcagctacag cgaaatggcg gagaccgtgg 120
 35 ctgacacccg gcggtgatc accaagccgc agaacctgaa tgacgcctac ggacccccca 180
 gcaacttcct cgagatcgat gtgagcaacc cgcaaacggt gggggtcggc cggggccgct 240
 tcaccactta cgaaatcagg gtcaagacaa atcttcctat tttcaagctg aaagaatcta 300
 ctgttagaag aagatacagt gactttgaat ggctgcgaag tgaattagaa agagagagca 360
 aggtcgtagt tccccgctc cctgggaaag cgtttttgcg tcagttcctt tttagaggaga 420
 40 tgatggaata tttgatgaca attttattga ggaaagaaaa caagggctgg agcagtttat 480
 aaacaaggtc gctggtcatc ctctggcaca gaacgaacgt tgtcttcaca tgtttttaca 540
 agatgaata atagataaaa gctatactcc atctaaaaa agacatgcct gaaatttggc 600
 aagaaggggc aaaaacgtga ctattaatga ttgataagca ccagtgaaga agttctaact 660
 tttagcatgc tgcacagaaa ctggtataac atgccttcag tatactaaca ctcatatgct 720
 45 cagttttgtt ttgttttggc agttgacaag aagttaattt gctttagtaa aaatccctca 780
 ttccagcctt tctatataaa tagctctttc ttgctgtttt aatgtggtgc acactatagc 840
 ctcacaaaacc tgttattcca gtgtaatctg cagtgtcgta actaaagtta ctggcttggg 900
 cttatttgca cagtttttgc gtcttgtttg cttcttgcac ctgatttaact agaataattc 960
 tctttccccc ttttaatttg tgatgtcact tgacccatt tatgtgtagg agcactacac1020
 50 cattggtttc caatactgca cacataagat acatacttgt gtgcagaaag tatcttcctc1080
 caggcttgta atacccttca catggaagat taatgaggga aatctttata ttctgtataa1140
 aaacaaaagc aaatttatat actaaaatca tttgtctaaa aatttaagtt gttttcaaat1200
 aaaaattaaa atgcatttct gatatgcaaa aaaaaaaaaa aagaaaaaga aaaaaagagg1260
 55 ggcgcccgct ct 1272

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1914 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

```

25 tgcagcgcgt gcgtgctgcg ctactgagca ggcggcatgga ggactctgaa gcactgggct 60
   tcgaacacat gggcctcgat ccccggtccc ttcaggctgt caccgatctg ggctgggcgc 120
   gacctacgct gatccaggag aaggccatcc cactggccct agaagggaag gacctcctgg 180
   ctcgggccccg cacgggctcc gggaagacgg ccgcttatgc tattccgatg ctgcagctgt 240
   tgctccatag gaaggcgaca ggtccggtgg tagaacaggc agtgagaggc cttgttcttg 300
30 ttccctaccaa ggagctggca cggcaagcac agtccatgat tcagcagctg gctacctact 360
   gtgctcggga tgtccgagtg gccaatgtct cagctgctga agactcagtc tctcagagag 420
   ctgtgctgat ggagaagcca gatgtggtag tagggacccc atctcgcata ttaagccact 480
   tgcagcaaga cagcctgaaa cttcgtgact ccctggagct tttgggtggt gacgaagctg 540
   accttctttt ttcccttggc tttgaagaag agctcaagag tctcctctgg gaaggcagag 600
35 tcacttgccc cggatttacc aggtctttct catgtcagct acttttaacg aggacgtaca 660
   agcactcaag gagctgatat tacataaccc gggtaccctt aagttacagg agtcccagct 720
   gcctggggcca gaccagttac agcagtttca ggtggtctgt gagactgagg aagacaaatt 780
   cctcctgctg tatgccctgc tcaagctgtc attgattcgg ggcaagtctc tgctctttgt 840
   caacactcta gaacggagtt accggctacg cctgttcttg gaacagttca gcatccccac 900
40 ctgtgtgctc aatggagagc ttccactgcg ctccaggtgc cacatcatct cacagttcaa 960
   ccaaggcttc tacgactgtg tcatagcaac tgatgctgaa gtcctggggg cccagtcgaa1020
   gggcaagcgt cggggccgag ggcccaaagg ggacaaggcc tctgatccgg aagcaggtgt1080
   ggccccggggc atagacttcc accatgtgtc tgctgtgctc aactttgatc ttcccccaac1140
   ccctgaggcc tacatccatc gagctggcag gacagcacgc gctaacaacc caggcatagt1200
45 cttaaccttt gtgcttccca cggagcagtt ccacttaggc aagattgagg agcttctcag1260
   tggagagaac agggggccca ttctgctccc ctaccagttc cggatggagg agatcgaggg1320
   cttccgctat cgctgcaggg atgccatgcg ctcagtact aagcaggcca ttcgggaggc1380
   aagattgaag gagatcaagg aagagcttct gcattctgag aagcttaaga catactttga1440
   agacaaccct agggacctcc agctgctgcg gcatgacctt cctttgcacc ccgcagtggt1500
50 gaagccccac ctggggccatg ttctgacta cctggttcct cctgctctcc gtggcctgg1560
   acgcccctac aagaagcggg agaagctgtc ttctcttgt aggaaggcca agagagcaaa1620
   gtcccagaac ccactgcgca gcttcaagca caaaggaaaag aaattcagac ccacagccaa1680
   gccctcctga ggttgttggg cctctctgga gctgagcaca ttgtggagca caggcttaca1740
   cccttcgtgg acaggcgagg ctctggtgct tactgcacag cctgaacaga cagttctggg1800
55 gccggcagtg ctgggccctt tagctccttg gcacttccaa gctggcatct tgccccttga1860
   caacagaata aaaattttag ctgccccaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa 1914

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 5 (A) LÄNGE: 608 Bas npaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

25 aatggaacca ggaattctta attaagcccg aagttcccaa gtctccttag cggaaaccgg 60
aaattgcca aggaaagcaa agaggagat gaccagtgat acctccagtg ccagaggta120
ctttgtggag ccaaattgctg gacatgggca gtcgagactc ggcatcttct gtcccccgca180
ttaatgactc tcaggaagga ggatgtaatt caaggcaagt ttctaattcc gaagctgcct240
30 gttcatgtta acaggacttc tttttattcg tcaagatgta ctggttcctt ggcaccttaa300
gggaaatcct gataaaggca aacctgttga gccatttggt cccataggat cccaggaccc360
aagtcctgtg tttcatcgtt actaccatgt gttccgtgag ggagaactgg aaggtgcctg420
caggactgtg agtgatgtca gaattctgca aagctactac gatcaaggaa actggtgtgt480
gattcttcaa aaggcctgat tatttacctg aacacatcat atataaagaa gaaatgctca540
35 cttaaaaaaa aaagaggga taaattaatt acccgtttaa ttaaagagaa aacttgtggg600
gaagtacc 608

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 2674 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
45 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63

```

10 tgaagagaag ttaaggtgaa gagccgaaga gcctgatgcg tgatgagcgt ctaagaaagg 60
   agaagcaaga gcagagaaga gagagagaaa gaacgggaga gagaaaggga agaaagagaa 120
   aggaaaagac gaagggaaga ggaagaaaaga gaaaaagaaa gggctcgtga cagagaaaga 180
   agaaagagaa gtcgttcacg aagtagacac tcaagccgaa catcagacag aagatgcagc 240
   aggtctcggg accacaaaag gtcacgaagt agagaaaaga gccggagcag aagtagagat 300
15 cgacgaagaa gcagaagcca tgatcgatca gaaagaaaac acagatctcg aagtcgggat 360
   cgaagaagat caaaaagccg ggatcgaaag tcatataagc acaggagcaa aagtcgggac 420
   agagaacaag atagaaaatc caaggagaaa gaaagagggg gatctgatga taaaaaagt 480
   agtgtagaag ccggtagtcg agaaaagcag agtgaagaca caaacactga atcgaaggaa 540
   agtgatacta agaagtaggt caatgggacc agtgaagaca taaatctga aggtgacact 600
20 cagtccaatt aaaactgatc tgataagacc tcagatcaga cagaggtaag tgtattgttt 660
   ctcaacttga ttagggcttt ttgttactgt ttgacagtgc agcgtaagta tgcacagatg 720
   aatagtgaac taagccgagt aagaagacat acaaaaagcct cttctgaagg aaaagacagt 780
   gtagtcctgc aaacattttt gaggtacatt gttttgtctc agctattttg tagcagactc 840
   gtgcccccat tagtggtcct ctttgaaat tatcgccac atttgtaata tagtcgccat 900
25 tgaaaagtta attatccttt ttttagggat tttgatgtca tttctttttt ttttttaata 960
   aaaaggttga actgtttttt tttttctttt tggatattaag tccatcttgt gttggtacat1020
   tggcagagac atatgcttta aaaacttaaa tatttcggag gcacatgttg gactactttg1080
   ttttaattaa actgctagta tttctttgtc aaggatgttt ctagtttttt gctttattgc1140
   cttgcattct aatgcagttt gttctgtaac tcgagagcca gtagcattgg attgatggaal200
30 gtgtagggtt tatgaattat tgcagctgac taccatacct cacacagcgt tgggtgtgtg1260
   agcggcccat gaaaagccaa attaaaaatc aaggattcag tcaaaactaag caggactca1320
   tgccaggtagc tcttttctct acccacatcc atgtttgaat gctattgcct gtgatctt1380
   cgcttaactg ttgtgtatct tttttgttct ttacaagaag tgcagagggg tttttgtgt1440
   attgctgtaa aacttataaa acaaatgtta acagaatgga attttttttc aactgtatgt1500
35 agggctgcag tgggtggccag aattagatat ctttaaagaa ttttaaatac aataaacact1560
   tcatattatt cgccttgtaa cactcaatgc aattctcaag tctataagag gtatgtgctt1620
   aatatttctt actgtgtagg agaatttgca gtcagccata ggtatgtagg aatagtcact1680
   cactggctga tacattttaa gcagcagtgat gaatagcaag gacagacacc ttcaatttgt1740
   gaaatcaaag aactgatgca ctatatagaa cgaatttggt tttttaaaga aatattaaaa1800
40 gttaggtagt gtaagtgttc taaaacctg taaacttcat tctgtgggct agtgggtgtg1860
   gacaaaatat tcctaatgaa aggaagtacc aattagttga tttgttggtg gcattcccct1920
   ttgtggaaag caatgtaagg ttatgtctgt gtatgtcatt cacacttagg caagcataca1980
   caggcacatg gctttaagaa ccacactgat gccttgataa ttaaaaagaa tacaagcatt2040
   ccattgtacac atgttaatta gcagtttagtg actgggccaa cactttctca taaaaattgg2100
45 ccttttacat gttgtctaata tatcattttt ccccaaattt tgcgtttagg gactactgtt2160
   cgaagatttt tggagaataa ctgagaacgg cataaagtga agatcgacat ttaaaaaatg2220
   aggtgaaaga aagctatagt ggcatagaaa aagtataaag ctcagttagt ttttttatta2280
   ttattattat taaaagttaa ttcaggactg atgtgacctc ccagatttca gaacatgtgt2340
   taatagtata tatgccactg aaaacttagg tctgtatca tacttttttc ttaaagactt2400
50 ttttaagaaat attactttaa catgtggctt gctcagtggt taattgcaag ttttcaatct2460
   tggactttga aaacaggatt aaacgttagt attcgtgtga atcagactaa gtgggattttc2520
   atttttacaa ctctgctcta cttagccttt ggatttagaa gtaaaaaata agtatctctg2580
   actttctgtt acaaagttga ttgtctctgt cattgaaaag ttttagtatt aatctttttc2640
   taataaagtt attgactctg aaaaaaaaaa aaaa
                                                                                   2674
55

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 326 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64

```
gacaaatgag ggtttgcat gcagctcgtc atcttaagag ttactatctt cttgccctgg 60
tgtttcgccg ttccagtgcc ccctgctgca gaccataaag gatgggactt tggtgagggc120
tatttccatc aatttttcct gaccgagaag gagtcgccac tccttaccca ggagacacaal80
25 acacagctcc tgcaacaatt ccatcggaat gggacagacc tacttgacat gcagatgcat240
gcttctgcta cagcagcccc actgtggggg gcctgatggg tccgacaact gcctctcgcc300
aggaagatgc aagtggatta agcaca                                     326
```

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 888 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65

```

ctcgtgcggt gatgttgagc agaagataca attcaaaaga gaaacagcca gtttgaaact 60
gttaccacac cagccccgaa ttgtggagat gaagaaagga agcaatggct atgggtttcta120
tctgagggca ggctcagaac agaaagggtca aatcatcaag gacatagatt ctggaagtcc180
5 agcagaggag gctggcttga agaacaatga tctggtagtt gctgtcaacg gcgagtctgt240
ggaaccctg gatcatgaca gtgtggtaga aatgattaga aagggtggag atcagacttc300
actgttggtg gtagacaaag agacggacaa catgtacaga ctggctcatt tttctccatt360
tctctactat caaagtcaag aactgcccac tggctctgtc aaggaggctc cagctcctac420
tcccacttct ctggaagtct caagtccacc agatactaca gaggaagtag atcataagcc480
10 taaactctgc aggctggcta aaggtgaaaa tggctatggc tttcacttaa atgcgattcg540
gggtctgccca ggctcattca tcaaagaggt acagaagggc ggtcctgctg acttggtgg600
gctagaggat gaggatgtca tcattgaagt gaatggggtg aatgtgctag atgaacccta660
tgagaagggtg gtgtagataa tccagagcag tgggaagaat gtcacacttc tagtctgtgg720
aaagaaggcc tatgattatt tccaagccta agaaaatccc tattgttccc tgcctggctg780
15 atgccagttg acagccctgc aggttctaaa gaaggaatag tgggtggagtc aaaccatgac840
tcgcacatgg caaaagaacg ggcggctatt gcagacggct aatttatg 888

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 202 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

```

atcacagggg tacaaccaga acacatacag tacttgaaaa attatttcca cctttggaca 60
cgacagttag cgcatattta tcactactat attcatggcc caaaaggaaa tgaaatacga120
45 acatcaaaaag aagttgaacc tttcaacaat attgatattg aaatttctat gtttgaaaaa180
gggaaggtag ctaagattgt ca 202

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1225 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

20 ggccggtgga ggccggcggt gcggcacgga aggggaagcg ctgaggcggt ggggccca 60
gccatggcgg agctgttgca ggaggagctc tcggctctgg ccgcgatttt ctgcaggccc 120
cacgagtggg aggtgctgag ccgctcagag acagatggga ccgtgttcag aattcacaca 180
aaagctgaag gatattatga tgcggatata cctctggaat tgggtgtcca ttgccaagtc 240
aattatcctt catgtctacc tggatctctg attaatctctg aacagttgac cagggccag 300
tgtgtgactg tgaaagagaa gttacttgag caagcagaga gccttttgc ggagcctatg 360
25 gttcatgagc tggttctctg gattcagcag aatctcaggc atactctcag ccaaccagaa 420
actggcagtg gcagtgaata gtgtactttt tcaacaagca cgaccatgga tgatggattg 480
tggaatactc ttttgcattt agatcacatg agagcaaaga ctaaataatg caaaattgtg 540
gagaagtggg cttcagattt aaggctgaca ggaagactga tgttcatggg taaaataata 600
cttgatttta ctacaggag acagaaacaa cctcaagggtg tacttgattc ttcagaaaac 660
30 ctccaaagta gatgtggact caagtggaaa gaaatgcaaa gagaaaatga ttagtgtact 720
gtttgaaaca aaagtacaga cagaacacaa aaggtttctg gcatttgaag tcaaagagta 780
ttcagcgttg gatgaattac aaaaggaatt tgaaactgca ggacttaaga agcttttctc 840
cgaatttgta cttgctctgg taaaatgaaa tggaaagacag gaatctttta gtaaaatagc 900
agtgtttttt gttgtttttg cattggattt ggggagtggg taattgaaat agtcaatttt 960
35 aaagtttctc tgaagcaaaa tgataggcat cattctaact tcaggaacaa aagccagttc 1020
tgttttatga aatattaaac atgaagaaaa cttgtatatt ctaatgtttg ccaggaaaagg 1080
ctaggttcag tagatgagac attatttaaa agataaattt aaaaagatgg taaatgaaca 1140
cttgttttta tagacaatat ttgtttgaaa ctatgtaatt ttctggctaa ttttctgtat 1200
atataatgat tttttaaaaa aagaa 1225
40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45

(A) LÄNGE: 1093 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

10

```
gagggcgggc ctgtttccgg ggaggcgcgt ggggcttgag gccgagaacg gcccttgctg 60
ccaccaacat ggagactttg taccgtgtcc cgttcttagt gctcgaatgt cccaacctga 120
agctgaagaa gccgccctgg ttgcacatgc cgtcggccat gactgtgtat gctctggtgg 180
tggtgtctta cttcctcatc accggaggaa taatttatga tgttattggt gaacctccaa 240
15 gtgtcggttc tatgactgat gaacatgggc atcagaggcc agtagctttc ttggcctaca 300
gagtaaatgg acaatatatt atggaaggac ttgcatccag cttcctatatt acaatgggag 360
gtttaggttt cataatcctg gaccgatcga atgcacaaaa tatcccaaaa ctcaatagat 420
tccttcttct gttcattgga ttogtctgtg tcctattgag ttttttcatg gctagagtat 480
tcatgagaat gaaactgccg ggctatctga tgggtagag tgcctttgag aagaaatcag 540
20 tggatactgg atttgctcct gtcaatgaag ttttaaaggc tgtaccaatc ctctaataatg 600
aaatgtggaa aagaatgaag agcagcagta aaagaaatat ctagtgaaaa aacaggaagc 660
gtattgaagc ttggactaga atttcttctt ggtattaaag agacaagtgt atcacagaat 720
tttttttctt gctggcctat tgctatacca atgatgttga gtggcatttt ctttttagtt 780
tttcattaaa atatatcca tatctacaac tataatatca aataaagtga ttatttttta 840
25 caaccctctt aacatttttt ggagatgaca tttctgattt tcagaaatta acataaaatc 900
cagaagcaag attccgtaag ctgagaactc tggacagttg atcagcttta cctatgggtgc 960
tttgctttta actagagtgt gtgatggtag attatttcag atatgtatgt aaaactgttt 1020
cctgaacaat aagatgtatg aacggagcag aaataaatac tttttctaata taaaaaaaaa 1080
aaaaaaaaaa aaa 1093
```

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 309 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

cacaaagtga ttgtggtatg gaacaatatt ggagagaagg caccagatga gttatggaat 60
 tctctagggc cccaccctat ccctgtgatc ttcaaacaac agacagcaaa caggatgaga120
 aatcgactcc aggtctttcc tgaactggaa accaatgcag tggtgatggg agatgatgac180
 5 acactcatca gcaccccaga ccttggtttt gctttctcag tttggcagca atttcctgat240
 caaattgtag ggatttggtt cctagaaagc acgtctttta ctttcattca aggtatctac300
 agttattgg 309

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

- 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 380 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70

ctcatctgat cccttttatg gccaaatcat ccttcagagt agggaacact cagacattct 60
 gtgcatgttg ttcccccaaa gcatggatc cacaaagtcc tgagttctgg tgtgtgctcc120
 cgctcctgg gtatacagag agaaggcagg aatcaggagt tccagaagca tatacatgtg180
 35 gctaccccag caacaagcgg catcctgtgc tcagataagc tgcatggttg ggaagtgttt240
 ttctctgcac gttgaggctt agtggagatg ggcaccactg ccatttgctc agaagaaggc300
 tggctggtc ctaactgcat cccacactgc ccagatcatt ctagataggt tattttctga360
 atgtttatag atttcttata 380

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 1253 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - 45 (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

```

10  gcggcccgac tccagttagg agccttgatg ccggagggga cagtgggtcg ccgagagcgc 60
    ccggagggaa ccgcctggcc ttcggggacc accaatTTTg tctggaacca ccctcccggc 120
    gtatcctact ccctgtgccg cgaggccatc gcttcaactg aggggtcgat ttgtgtgtag 180
    tttggtgaca agatttgcat tcacctggcc caaacctttt ttgtctcttt gggtgaccgg 240
15  aaaactccac ctcaagtttt cttttggtgg gctgcccccc aagtgtcggt tgttttactg 300
    tagggctctc ccgcccggcg cccccaagtgt tttctgaggg cggaaatggc caattcgggc 360
    ctgcagttgc tgggcttctc catggccctg ctgggctggg tgggtctggt ggctgcacc 420
    gccatcccgc agtggcagat gagctcctat gcgggtgaca acatcatcac ggcccaggcc 480
    atgtacaagg ggctgtggat ggactgcgtc acgcagagca cggggatgat gagctgcaaa 540
20  atgtacgact cgggtgctcgc cctgtccgcg gccttgagg ccactcgagc cctaattggtg 600
    gtctccctgg tgctgggctt cctggccatg tttgtggcca cgatgggcat gaagtgcacg 660
    cgctgtgggg gagacgacaa agtgaagaag gccgtatag ccatgggtgg aggcataatt 720
    ttcacgtggg cagggtcttg cgccttggtg gcttgctcct ggtatggcca tcagattgtc 780
    acagactttt ataacccttt gatccctacc aacattaagt atgagtttgg ccctgccatc 840
25  tttattggct gggcagggtc tgccctagtc atcctgggag gtgcactgct ctctgttcc 900
    tgtcctggga atgagagcaa ggctgggtac cgtgcacccc gctcttacc taagtccaac 960
    tcttccaagg agtatgtgtg acctgggata tccttgcccc agcctgacag gctatgggag1020
    tgtctagatg cctgaaaggg cctggggctg agctcagcct gtgggcaggg tgccggacaal080
    aggcctcctg gtcactctgt cctgcaactc catgtatagt cctcttgggt tgggggtggg1140
30  ggggtgccgt tgggtgggaga gacaaaaaga gggagagtgt gctttttgta cagtaataaa1200
    aaataagtat tgggaaacaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 1253
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 439 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

```

5   ctaaggggag gacaggcaga aaccaggaat gccaaacttaa acctgtttgg tgctctgact 60
    gtttgttagt atcactctca agaatgaaga gaaacctcaa cttttctgtt tccggccaac120
    tttattgaat ttgttttttt aaatgcagtt tacatgcagt ttctttgaaa agtcatgttg180
    aatttagatc tgttctctga gtaagacttg gcgagtatgt gaaacttgac tcaagttaca240
    tttctttttt tctgtccccc aaacgttcac gcttcttata ggctccactt tgaggctctg300
    atgaacattc cagtgcgtgt gttggatgtc aatgatgatt ttgctgagga agtaacccaa360
10  caagaagacc tcatgagaga ggtgggaagg actttaactc ctgtttttct ggtggtttcc420
    ctttggttgt accttttaa                                439

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 15 (A) LÄNGE: 1252 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

```

35  tggacctgcc cgacgccctg ctgcccgact tgcccgcgct ggtgggcccc aagcagctga 60
    tcgtgctggg aaacaaagtg gacctcctgc cccaggatgc tcctggctac cggcagaggc 120
    tgccgggagcg actgtgggag gactgtgccc gcgccgggct cctgctggcc cctggcacca 180
    agggccacag cgccccgtca aggcagagcc acaggacggg gagaatccga atccgccgaa 240
40  ctgggtcccg cagatgggtca gggacgtgcg gctgatcagc gccaagaccg gctatggagt 300
    ggaagagttg atctctgccc ttcagcgctc ctggcgctac cgtggggacg tctacttagt 360
    gggcgccacc aacgcgggca aatccactct cttaaacacg ctctggagt cagattactg 420
    cactgccaaag ggctccgagg ccacgcagag agccaccatc tccccttggc caggctactac 480
    attaaacctt ctgaagtttc ctatttgcaa cccaactcct tacagaatgt ttaaaaggca 540
45  tcaaagactt aaaaaagatt caactcaagc tgaagaagat cttagtgagc aagaacaaaa 600
    tcagcttaat gtccctcaaaa agcatgggta tgcgtagga agagtggaa ggacattctt 660
    gtattcagaa gaacagaagg ataacattcc ctttgagttt gatgctgatt cactgcctt 720
    tgacatggaa aatgaccctg ttatgggtac acacaaatcc accaaacaag tagaattgac 780
    tgcacaagat gtgaaagatg cccactgggt ttatgacacc cctggaatta caaaagaaaa 840
50  ttgtatttta aatcttctaa cagaaaaaga agtaaatatt gttttgcaa cacagtccat 900
    tgttccaaga acttttggtc ttaaaccagg aatggttctg tttttgggtg ctataggccg 960
    catagatttc ctgcagggaa atcagtcagc ttggtttaca gtcgtggctt ccaacatcct1020
    ccctgtgcat atcacctcct tggacagggc agacgctctg tatcagaagc atgcagggtca1080
    tacgttactc cagattccaa tgggtggaaa agaacgaatg ggcaggattt cctcctcttg1140
55  ttgctgaaga cattaatggt taaaagaaag gactgggggc aacctggaag cagtgggccg1200
    acatcaaagt ttcctctgca ggtaatttta tgccaagcac tttttaaaaa gt 1252

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 695 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

30 tgttcattgc ctctgagcg tagtccagtt actttcaggc tcggggagtg aaggcctcgt 60
 tgagagaagg tctcattcgg tgttttgga agagagtcgt gtgggccag gtatcgtagc120
 ggcgacacga gagagacggg cgggtgtgaca gccttccact acctgcacga gtgtattggt180
 ctgtctgcta tcagctatgc cgctgcccgt tgcgctgcag acccgcttgg ccaagagagg240
 catcctcaaa catctggagc ctgaaccaga ggaagagatc attgccgagg actatgacga300
 tgatcctgtg gactacgagg ccaccagggt ggagggccta ccaccaagct ggtacaaggt360
 gttcgaccct tctgcgggc tcccttacta ctggaatgca gacacagacc ttgtatcctg420
 gctctcccca catgaccca actccgtggg taccaaatcg gccaaagaag tcagaagcag480
 35 taatgcagat gctgaagaaa agttggaccg gagccatgac aagtcggaca ggggccatga540
 caagtcggac cgcagccatg agaaactaga caggggccac gacaagtcag accggggcca600
 cgacaagtct gacagggatc gagagcgtgg ctatgacaag tccaggaacg ggattcggga660
 ccgcgggtat gaccaagcag accgggaaga gggcc 695

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2514 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

10
cggcgacggc gcggggggcag ctgggaatcc ggaatgctgc ccgatggccc tgggtcctcg 60
ctgtggggca atccgggctt gcagacgagt tttagaaaga gcgttttcgc tacgtaaagc 120
acattcgata aaggatatgg aaaatacttt gcagctgggt agaaatatca tacctcctct 180
gtcttccaga aagcacaag ggcaagatgg aagaataggc gtagttggag gctgtcagga 240
15 gtacactgga gcccataatt ttgcagcaat ctgagctctc aaagtgtgac agccccaatg 300
ctgttcatga ggtggagaag tggctgcccc ggctgcatgc tcttgtcgta ggacctgggt 360
tggttagaga tgatgcgctt ctcaaaaatg tccagggcat tttggaagtg tcaaaggcca 420
gggacatccc tgttgtcatc gacgcggtga gttgacttct ctctcctgg ctcggactcc 480
cggaaggcct gtgcagttag cagggctcct tgttctgtgc aggatggcct gtggtagggt 540
20 gctcagcagc cggccctcat ccatggctac cggaaggctg tgctcactcc caaccacgtg 600
gagttcagca gactgtatga cgctgtgtc agaggcccta tggacagcga tgacagccat 660
ggatctgtgc taagactcag ccaagccctg ggcaacgtga cgggtggcca gaaaggagag 720
cgcgacatcc tctccaacgg ccagcaggtg cttgtgtgca gccaggaagg cagcagccgc 780
aggtgtggag ggcaagggga cctcctgtcg ggctccctgg gcgtcctggt aactgggag 840
25 ctcttctgtg gaccacagaa acaaatggg tccagccctc tcctgggtgg cgcgtttggc 900
gcctgtcttc tcaccaggca gtgcaaccac caagccttcc agaagcacgg tcgctccacc 960
accacctccg acatgatcgc cgaggtgggg gccgccttca gcaagctctt tgaaacctga 1020
gcccgcgcag accagaagta aacaggcacc ttggacgggg gagagcgtgt gtgtgatggg 1080
aaaatccgga ccacgcgtg tgctgaaggc gtacggtgct tgccagattt tcaacttgag 1140
30 cataaattgg ttgccattga gaatttaaga atctggaata ttgcagcttt tgggtaaact 1200
taatgcatgg ttggagatgt tatggcgaca ctaaacaaag tattcctgaa ctttcttagt 1260
ctccttggta gtaactggga agacagaaat gaagaaaatc acatgagaat gaagaattct 1320
ttagcagctc aacagagttt ctgggcctgc tccagatcgc gcgaagtttc tacttgttac 1380
tctctctgcc ggcgcccttc gttcctcctc tgcttccctt ccctagtctt tcctccggca 1440
35 gggagctggg caggggtccc cgggtgtctc cctgagtcct gactgactg actgggtcca 1500
tcagagggtc gcttcgttct ccagctcatc ttcttttaaa gtggtgacta gcttgggtgt 1560
atctggctgc ttgtgtttgg cttattgaca tactccaggg taatcaatga tgactttgtt 1620
tggaaccctt tttggaggca ccatgggaac agaaggaaac atgagtgcgc ctgacccttg 1680
agtgtgtggg tggggagctc tgagacgcct cctgtcccac gctctccggt gtccgtgtct 1740
40 acacaggggt ccccatgata ccacccggcc ccagcagggc agaccggacc ggggacgggc 1800
acggtgaagg gctgcagcct ggggtctgac gtggccccta gtgctgtctc aggagaaggc 1860
tctggaggac ttgaggcatg ctgggcctgg tgcaagtatg gcgctaagga gaccgggga 1920
aagacagtat cgtggtcacg tatgcttagg aagcagcaca gccgtgtcct tagggatgtt 1980
cgcgctccag aaagacactg gtaactgcgg tttcagccaa cactcttcat ggcagtgtcg 2040
45 acctcgggtt agcttctgtt gtctttgtgg atggttttcc tggagcggcc tgacgttgac 2100
gtgttctctg gtcccatgtc ttagcggggc atggtacggt ttcgtgcctg acgctgtcat 2160
tagggtgttc tcttatactt tcagtagcat ctttccacag caagggccaa accctcctgg 2220
ttcccttcag agtctttttg gcctgatgat gactcttgag tgataccctg tgatgcagac 2280
atgcccaga tggattctac tttcttttaa actagggaact ttcaagatta aaaaaaagat 2340
50 gtgcaactact aatttgacgc ctaacttcag aagcttcaact gtctacatgt gaacttttcc 2400
agaaaaactg tgccatggac atttttctc tggggaatta acatctaaat tctggttaact 2460
attaaaagac agatctgggtt aattttaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaataaa aaaa 2514

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 274 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

20 cagagatctg ctgtgattat tccttttcac aaaccacaat gactctggaa aacctggctg 60
taaacaccag cactgccacc agctaaggat ctgtgatcag gactgccatc tcacggtaac120
aggcagaaga caaaagtga accgggctga tgcgaatcac tgggaaactg gctttggcac180
ctccagagaa tgaactgtt catagcctag ctgaccatcc atgaaaatgg ctgcctggag240
aggcagtgat cagcccattc cctgcaagggt gaag 274
25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 449 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

50 cggtgttagc ggcagctctt cggtgattgtt tccattgcc aacctaacgt gctggcctat 60
gaacggtaca ttgcgtggt ccatgccaga gtgatcaatt tttcctgggc ctggagggcc120

attacctaca tctggctcta ctactggcg tgggcaggag cacctctcct gggatggaac180
aggtacatcc tggacgtaca cggactaggc tgcactgtgg actggaaatc caaggatgcc240
aacgattcct cctttgtgct tttcttattt cttggctgcc tgggtgggtgcc cctgggtgtc300
5 atagccatt gctatggcca tattctatat ttccattcga atgcttcgtt ggtgtggaag360
atcttcagac aattcaagt atcaagattt taaaatatga aaagaaactg gccaaaatgt420
gcttttaatg atattcacct tcctggtcg 449

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 346 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

atataacatc tgaattggga gatagctcat tgtggcctgg gtgctggact tttcatatta 60
agtcctgtct tagccaaggg agaagaatgt aaggataaga ccaccaatat cacaggggct120
35 gtctgagcct ttacctgtga ttttgtacca ctctgtggcc ttctggagca atggacaacc180
aagtcagcta tgcagttcat aaaagtggac ctggttatat gtcaccaac agcatatggt240
ccctgcaagc ctgttttga agccaatatt ctataaccta caggaatcca cttgaatctg300
atgtctttgg aagcaatata ttttcccagg gttccaatgg actacg 346

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1329 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

10 ccccatca gttcgaattt ctgcagttag agcatctggg gttattgtga ccaactgaaa 60
gtctcagaga gtacccacgt gtcacagccc ttctcccca gcatccttga tggcttaatt 120
cacctagcag ccaggttcag ctacagaggtc ctcaacctgg tgatggagac cctgtgcatc 180
gtttgtacag tagacccga attcacagca agcatggaaa gcaaaatctg ccccttcacc 240
15 atcgccattt tcctaaagta cagtaagtat cccgtcgtcg cctcactggc tcaggacatc 300
ttcaaggagc tgtcccagat tgaagcctgt cagggcccaa tgcaaatgag gctgattccc 360
actctggtca gcataatgca ggccccagca gacaagattc ctgcagggtt ttgtgcgaca 420
ccattgatat cctgacaaca gtagtacgaa atacaaagcc tcccctttcc cagcttctca 480
tctgccaaagc tttccctgct gtggcacagt gtacccttca cacagatgac aatgccatca 540
20 gtgcagaatg gcgagagtg cttgcggggc tatgtgtcag tgaccctgga acaagtagcc 600
cagtggcatg atgagcaggg ccacaatgga ctgtggtatg tgatgcaagt ggtgagccag 660
ctcctggacc ccgcacctc agagttcact gcggcctttg tgggccgcct tgtttccacc 720
ctcatctcca aggcaggcg ggaactcggg gagaatctag accagattct tcgtgccatc 780
ctcagtaaga tgcagcaggc agagacgctc agtgtcatgc agtccctgat catggtgttc 840
25 gctcatctgg tgcacactca gtagaacct ctctggagt tcctgtgtag cctcccagga 900
cctactggca aacctgctct agagtttgtg atggctgagt ggacaagccg acagcacctg 960
ttctatggac agtatgaagg caaagtcagc tctgtggcac tctgtaagct gctccagcat1020
ggcatcaatg cagatgacaa acggctacag gatatccgtg tgaagggaga ggagatctac1080
agcatggatg agggcatccg caccgctct aagtcagcca aaaaccaga acgctggaca1140
30 aacattcctt tgctgggtcaa gatcctaaag ctgatcatca acgagctctc caacgtcatg1200
ggaggctaag gccgctccgc caggccactc ctgcagagtg ggagtcaaag gtgcacgaag1260
gccccttact tcccaggaag acttttagcc tgggcagatc aagttacaaa ttgtcaaatt1320
atccaggaa 1329

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 805 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
40 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

```

5  gcccccatca gttcgaattt ctgcagttag agcatctggg gttattgtga ccaactgaaa 60
   gtctcagaga gtaccacagt gtcacagccc ttctcccca gcatccttga tggcttaatt120
   cacctagcag cccagttcag ctacagagtc ctcaacctgg tgatggagac cctgtgcatc180
   gtttgtacag tagaccccgga attcacagca agcatggaaa gcaaaatctg ccccttcacc240
   atcgccattt tcctaaagta cagtaatatg cccgtcgtcg cctcactggc tcaggacatc300
   ttcaaggagc tgtccagat tgaagcctgt cagggcccaa tgcaaatgag gctgattccc360
10 actctgggtca gcataatgca ggccccagca gacaagattc ctgcagggct ttgtgcgaca420
   cccattgata tcctgacaac agtagtacga aatacaaagc ctcccccttc ccagcttctc480
   atctgccaag ctttcctgc tgtggcacag tgtacccttc acacagatga caatgccacc540
   atgcagaatg gcggagagt cttgcggggc tatgtgtcag tgaccctgga acaagtagcc600
   cagtggcatg atgagcaggg ccacaatgga ctgtggtatg tgatgcaagt ggtgagccag660
15 ctctgggacc cccgcacctc agagttcact gcggcctttg tgggccgcct ttgtttccac720
   cctcatctcc aaggcagggc gggaactcgg ggagaatcta gaccagattt cttcgtgcca780
   tccttcagtt aagatggcag gaggt                                     805

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 420 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

```

45  accaggtcaa gctcacccca aactattacc ttcgatgcat gtgttgatcat accctgtgga 60
   gatctccaaa gtcaaaagca actgtcagac tcagagaagt atctgtgccc ctttaagata120
   aaaggctccc cctatcaaga cccttggtcc ttaacgaatg cagggaaaaca ggtctgccat180
   agctggaatg aggtgggtgtg gacaactgaa tatcaaggct ggacctcgtc aaccgggtgg240
   tgtatgtcct taaaaccata cattcacttc actaaagaaa gtaccccca taattgccag300
   tataaccaat gtaatccagt gcaattttct attctcattc caacttctac tgaccctaaa360
   cctactttaa gttgcggtat atggcatggg agccgaaata gcagggggcac atcttattgg420
50

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

55 (A) LÄNGE: 2143 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

20
cggcgcgcct tttttttttt ttttttaagt tgaacagaac atttttatttc tcagcaattc 60
tatgcgtaca aattaaacat gagatgaata gagactttat tgagaaagca agagaaaatt 120
cctatcaacc ccaaggagga ctcaaagtga ggctggaaga ggacttagaa gagtatgaaa 180
gtactctaag attttatcta agttgccttt tctgggtggg aaagtttaac cttagtgact 240
25 aaggacatca catatgaaga atgtttaagt tggagggtggc aacgtgaatt gcaaacaggg 300
cctgcttcag tgactgtgtg cctgtagtcc cagctactcg ggagtctgtg tgaggccagg 360
ggtgccagcg caccagctag atgctctgta acttctaggc cccattttcc cctctgaaaa 420
taagaggggt ggatcaaacg atctctgggg ccttagcatc tcaaatcctg tggatcctcc 480
tacttacccc ttagagagcc ttactgggaa gtcagtcatt aatgatgtgg ccagttattt 540
30 gcaagtggta agagcctatt taccataaat aatactaaga accaactcaa gtcaaacctt 600
aatgccattg ttattgtgaa ttaggattaa gtagtaattt tcaaaattca cattaacttg 660
atttttaaatt cagttttgtg agtcatttac cacaagctaa atgtgtacac tatgataaaa 720
acaaccattg tattcctgtt tttctaataa gtcttaattt ctaacactgt atatatcctt 780
cgacatcaat gaactttgtt ttcttttact ccagtaataa agtaggcaca gatctgtcca 840
35 caacaaactt gccctctcat gccttgcctc tcaccatgct ctgctccagg tcagccccct 900
tttgccctgt ttgttttgtc aaaaacctaa tctgcttctt gcttttcttg gtaatatata 960
tttaggggaag atgttgcttt gccacacac gaagcaaagt aaataaagac cacaatgtt1020
caaattctaa gccacttaat agcgttttgt acattaaaaa tgacaagggt tattatacaa1080
gtagcctttt aaaaaattct cacacagaac agctttgtat ttagacttaa agctgttgct1140
40 actttgctag tgacgtttgt gttaacagtc agtgcctag gccattgatt gattgattgt1200
cagaatcaga agtgactaca caagagcatt agccagactt ttcagtgaac acaggaacal1260
ggctggcacc agcacttggg acagcacgtg gacaggacga cggaaccag agttctctgt1320
ctctccttca cagcagatgg actcttctat aggtggctgt taatttacac aaagttatat1380
tccagaatca ggaagccccg tgtcgccaac acttgaagga gaactatgtt ccagttttgg1440
45 tgttgaactt ctcacgaaat acctactacc aaaaattgtg acaccttatt agacacttcc1500
aaagtacccc ccaaaagctg tttaaaagac cattccattt tttcctacac aaagtgcatal560
ctaaaatttc acaataatca tcttcagatg tacattttat ttagtacatt tcacagtttt1620
cagatttcag tccctcatga acattttata gtcactctct cggccctgtt gtgaaatatg1680
tgattccagt tcaattcaga gtgtatgatt ccgcttttca cgctgatcaa gtaaatattat1740
50 ggtgtctctt ttctgatctt caacattaaa aacatctatg tttctgtcat tccctgccag1800
ggctgcttgc ttgtctgtct cagattctgc ttcatcttca tccatgttgt agtcatcttc1860
tctctcagtt ttctgtgtgt ttctcccttc cccggcagct tctgtctcct cctcctgtcc1920
gtcggggatg acaagctggg ctgctcagg gccctccatc tctggatttt cctggctcac1980
tgacagggca gcctgcacct gtggggctctg gccagttct cccggtcccc cgaagcctct2040
55 tccacctaca ggtctgtctt caacacctgc tcccggctg gctcctgcgg cagcctgtcc2100
ctctgaggct ccgatcaaca ctgatctcat ggttcccttc cca 2143

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 450 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

25 tttttttaaa gccagctttt cttcagattt ttttggtggg caggctcgtga aagacaggtg 60
aggaagtaga tcttgggctc agcatgcctc taaaagtata atttcttttt ttaaatgtgg120
aaagaaatgc ataactctgt ttctgttcct gtccccctct ctgcctctgt ggtgcctgag180
atactgggga tcccacagct ggggccactc agaggctacc aggaacgctt ccagtttgca240
tctggctgtt agtgccagga ccagaaacct acagacctct tcacagacct cctgaccgtg300
30 atgtccctga agcctggaag gtgtccacac aatgaagcag aattgagtga tggggtgtt360
tgtggaacct agtgaaactg tgtaacaca gtggaactgt gttaattttg agtggaaagt420
caagttccgt ggagttcatt gggcccgttt 450

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 408 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 50 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

5

```
tgcaactgtg caccagctt gccagatttt tccccattac acccccagtg tggcatatcc 60
ttggtcccca gaggcacacc ccttgatctg tggacctcca ggcctggaca agaggctgct120
accagaaacc ccaggcccct gttactcaaa ttcacagcca gtgtggttgt gcctgactcc180
tcgccagccc ctggaaccac atccacctgg ggaggggcct tctgaatgga gttctgacac240
10 cgcagagggc aggccatgcc cttatccgca ctgccaggtg ctgtcggccc agcctggctc300
agaggaggaa ctgaggagc tgtgtgaaca ggctgtgtga gatgttcagg gctagttcca360
accaagagtg tgctccagat gtgttggggc cctaacttgg cacagagt 408
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 311 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

```
tacagttttt atcagtgatc acatttttagt gtaatacatg aaactgaggc ttgatagaaa 60
acaggagaga aggcattgag gcatggggta catagggaga tgagggcaag catcaccaag120
40 gagcggcagt gagatagacg ctctcatgga ctgctgcttt acaacctccc tggagagcaa180
tttaaaaata tgaatcaaga tccttttgat ccactaatca tccagaaatc tacacagaaa240
tatgcacaaa aatatgtggg catccattga ctttccaacc tcttctcttt ccagggggaa300
tattccttaa a 311
```

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 487 Basenpaare

50

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

15

```
gtcttttgaa atctgtttcc actacagcta tggccaagtc tatcagccgg tgctaccagg 60
agtcactgcc agggctgccg ttctcctgaa cccagtgagg cagaatcata agccctgacc120
ccatccctag aaagatgagg tcccagcaat ggccagagca tttctcacca gttctgtgag180
atagcacata aaaatagagt tctttgggca aaacttttgg gaagcaatgc atcctacatg240
20 ggctgatatt cagcctgagc tgttctcaag aggagagtgg tactggcagt ttatggctga300
aatccattct gattggttgg agtctatgct ataccagttg ttaaactatt tgagtatcac360
ctttgcatac tgttactatt atatttcctc tatatataga cagaaaggcc atttttagga420
tattaaaggc tctgaaaatt tctgcagtag acccaactga aggttctatt aaggcagggt480
tcctaaa 487
```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30

(A) LÄNGE: 1902 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

50

```
gaggaaaaag aacaatgaac agcaacgata ttgactgtgc aactcagaca ttcctgcaga 60
aaagacatat gttgctttac aagaaggcca aagaactatg gggccttccc agcatTTGac 120
tgttcattgc atagaatgaa ttaaatatcc agttacttga atgggtataa cgcataaatg 180
```

```

5  tgtgatttta ttaggggcat ctgccaatc tctcactgtg gttccttctc tgactttgcc 240
   tgttcatcat ctaaggaggc tagatccttc gctgacttca ccattcctca aacctgtaag 300
   tttctcactt cttccaaatt ggctttggct ctttcttcaa cctttccatt caagagcaat 360
   ctttgctaag gagtaagtga atgtgaagag taccaactac aacaattcta cagataatta 420
10 gtggattgtg ttgtttgttg agagtgaagg tttcttggca tctggtgcct gattaaggct 480
   tgagtattaa gttctcagca tatctctcta ttgtcttgac ttgagtttgc tgcattttct 540
   atgtgctgtt cgtgacttgg agaacttaaa gtaatcgagc tatgccaact tggggtggta 600
   acagagctact tcccaccaca gtgttgaaag ggagagcaaa gtcttatgga taaacctcc 660
   tttcttttgg ggacacatgg ctctcacttg agaagctcac ctgtgctgaa tgtccacatg 720
15 gtcactaaac atgttatcct taaaccccc gtatgcctga gtgaaagggt ctctctctta 780
   ttaggttttc atgggaacat gaggcagcaa atctattgct aagactttac caggctcaaa 840
   tcatctgagg ctgatagata tttgacttgg taagacttaa gtaaggctct ggctcccagg 900
   ggcataagca acagtttctt gaatgtgcca tctgagaagg gagaccagg ttgtgagttt 960
   tcctttgaac acattgtgtt tttctcaaa gctagactgt tagctctttg 1020
20 aggacaggga ctatgtctta tcaatcacta ttattttcct gttacctagc atgggacaag 1080
   tacacaacac atatttgtgt agtcttctaa aagactcctc tgattgggag accatatcta 1140
   taattgggat gtgaatcatt tcttcagtgg aataagagca caacggcaca acctcaagg 1200
   acatattatc tactatgaac attttactgt gagactcttt attttgcctt ctacttgcgc 1260
   tgaaatgaaa ccaaaacagg ccgttgggtt ccacaagtca atatatgttg gatgaggatt 1320
25 ctgttgctt attggaact gtgagactta tctggtatga gaagccagta ataaaccttt 1380
   gacctgtttt aaccaatgaa gattatgaat atgttaatat gatgtaaatt gctatttaag 1440
   tgtaaaagcag ttctaagttt tagtatttgg gggattgggt tttattattt ttttctttt 1500
   tgaaaaatac tgagggatct tttgataaag tttagtaatgc atgttagatt ttagttttgc 1560
   aagcatgttg tttttcaaat atatcaagta tagaaaaagg taaaacagtt aagaaggaa 1620
30 gcaattatat tattcttctg tagttaagca aacacttggt gagtgcctgc tatgtgcacg 1680
   gcatgggccc atatgtgtga ggagcttgct taattatgta ggaagcaata gatctcggt 1740
   gttacgtatt gggcagatac ttactgtatg aatgaaagaa catcacagta atcacaatat 1800
   cagagctgag ttatccccag ttagcttctg ttggggattc cagtttctgg gaacgagagt 1860
   tagggccatt ttatttaaaa gaaactccc gttgagaccg gt 1902

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 35 (A) LÄNGE: 1048 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88
- 55 ctcaccgtcg tctacaccgt gttctacgcg ctgctcttcg tgttcatcta cgtgcagctc 60
tggtggtg gcgttaccg ccacaagcgc ctcagctacc agagcgtctt cctctttctc 120

```

tgcctcttct gggcctcccg gcggaccgtc ctcttctcct tctacttcaa agacttcgtg 180
gcggccaatt cgctcagccc ctctgtcttc tggtgtctct actgttccc tgtgtgcctg 240
cagtttttca ccctcacgct gatgaacttg tacttcacgc aggtgatttt caaagccaag 300
tcaaaatatt ctccagaatt actcaaatac cgggtgcccc tctacctggc ctccctcttc 360
5 atcagccttg ttttctgtt ggtgaattta acctgtgtct tgctggtaaa gacgggaaat 420
tgggagagga aggttatcgt ctctgtgcga gtggccatta atgacacgct ctctgtgctg 480
tgtgcggtct ctctctccat ctgtctctac aaaatctcta agatgtcctt agccaacatt 540
tacttgagtg ccaagggtc ctccgtgtgt caagtactg ccatcggtgt caccgtgata 600
ctgctttaca cctctcgggc ctgctacaac ctgttcatcc tgtcattttc tcagaacaag 660
10 agcgtccatt cctttgatta tgactgttac aatgtatcag accaggcaga tttgaagaat 720
cagctgggag atgtcggata cgtattattt ggagtggtgt tatttgtttg ggaactctta 780
cctaccacct tagtcgttta tttcttccga gttagaaatc ctacaaagga ccttaccac 840
cctggaatgg tccccagcca tggattcagt cccagatct tatttctttg acaacctcg 900
aagatatgac agtgatgat accttgctg gaacattgcc cctcagggaag ttcagggaag 960
15 gttttgctcc agattactat gagttgggga caacaaacta acagcttcct ggcagaagca 1020
gggacttttg aaagcctcaa agtttgga 1048

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 804 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

```

gcccccatca gttcgaattt ctgcagttag agcatctggg gttattgtga ccaactgaaa 60
gtctcagaga gtaccacagt gctccagccc ttccctccca gcatccttga tggcttaatt 120
cacctagcag ccaggttcag ctccagaggtc ctcaacctgg tgatggagac cctgtgcatc 180
45 gtttgtacag tagaccccga attcacagca agcatggaaa gcaaaatctg ccccttcacc 240
atcgccattt tctaaaagta cagtaatgat cccgtcgtcg cctcactggc tcaggacatc 300
ttcaaggagc tgtcccagat tgaagcctgt cagggcccaa tgcaaatgag gctgattccc 360
actctggtca gcataatgca ggccccagca gacaagattc ctgcagggtt ttgtgcgaca 420
gccattgata tcttgacaac agtagtacga aatacaaaagc ctccccttcc ccagcttctc 480
50 atctgccaag ctttccctgc tgtggcacag tgtacccttc acacagatga caatgccacc 540
atgcagaatg gcggagagtg cttgctggggc tatgtgtcag tgaccctgga acaagtagcc 600
cagtggcatg atgagcaggg ccacaatgga ctgtggtatg tgatgcaagt ggtgagccag 660
ctcctggacc cccgcacctc agagttcact gcggcctttg tgggcgcctt tgtttccacc 720
ctcatctcca aggcaggggc ggaactcggg gagaatctag accagatttc ttcgtgccat 780
55 ccttcagtta agatggcagg aggt 804

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 581 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

25 tctttgatca gatttagtgt cttaggtaat taaatcagaa agtctattta gctattctag 60
aagtgtatgt gtaggtattg ggtggttggt gttctttgag cgaacttgtc agaaactcca120
ttcttaacat cagaatcagg gcaggattga aaacattgtg gctggatctt gaaattgcta180
taacatctat tgcagaaaat gataggtcag atggatagca ataataatta tatatcagat240
cttagtaaca aaattaccaa gctttatcta gtggatatat gtaaaagaat atttttaaat300
30 gtccagcatt gatgtatttt ctttaagaat tattacagta tataagcatt ctttgggaat360
acagtataaa aacataaaatt ttttcgtatt ttttaattttt tttatttttt tggccaagga420
tgaatcctcc cctgtaaaat attgattttc gcctaaattt cgggggtttcc ctggcacata480
atagcactgg cccaacttc ggagatggcg gatgcgggta aaaagccaaa aggatggatg540
gggatccgga aatacgtggt ggaatggaag cgaatccaat a 581

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2042 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

```

tggagatatt agtcagtttc tttagtata tttgtttcct tgatgtgcct ttttgttttt 60
ctttgggggt tttggaatcc ggatgctgtt gaagggcaat agcagactcc tccagctaag 120
agacaggaca tgttcttgag ccactgtagc tgttgaagct ggacaccaga cgctccctat 180
10 aacccccccg ccaggccata gcgtgtatgc atgtgcactt ccaccacagc aggaggggtg 240
gaagccttga gaacctcaag aaagggtcgt attctgccat accttgggtt ctaccttggg 300
actgctgggtt gccaacgtgt caaccagcct gtgttccctg ccaccacgc acttgctgag 360
gtgtggctga ggcagaatca tgtgaatggg tgcattcaag gagttcaggg ccctgcttgg 420
agaagaaata cttagcatc atgaaaggga aagaacgtgc accccttttt tgtttcttta 480
15 gtgaatgcaa gatttaataa aagtgaataa tgagcttccc ctttgggagt ggagcccagt 540
gcagctcact gacagggttg acatcagtat gatgtgttgg actgaaactg tatgtctgta 600
ggtaggtgtg tgccttttag ggcagaccac ggtggccacc ccatttctcc aaggtgggtt 660
acctagcttg tgtatattag acctgccac cctcacctct ggccaaaaat tcttgattta 720
aaaagaaaag tctattttgt taacgacagg ctctgttcta tgtgttacta tcccaagcct 780
20 ggattatttt atttatttaa aagtatttta atttccatat tggctttatt ctaatcccat 840
ccatccctgt ggagctgcag agcatcttca tgtgagtaga cggatggaca taaatagatt 900
catgctcatt taggaagctg ggagtttcgt gaagctgagg gtgagttcct gtgattcttg 960
ttcgcttcaa caaaaagtgg gagaccaagt ttttatagca aaagaccaa ttagctgtag1020
agtcttgaat gcagaaaaaa attaccctag ctttcttagc acttagggtt ttgtgaggat1080
25 tcagtgttta gcacagtgtc tggcacatag taaagccctag taaatgttaa atattgttat1140
tagtggttcg taaaacttga gaaatagagc tgagctcatt cccttcctgt tgattcaaaa1200
ataataccta catgaaaaca tgattccaag ttgattgaat gttgtaggaa ttactgggtt1260
agagtagccc agttctcggc ctaccctgct ggttgggagc ttactgtatt cttgaatgca1320
ctggtttgaa aatatgccag acttcagccc ccaaggaaac aaggctgcaa gaatttatga1380
30 actccagctg gaaaaggtaa aggtgacctt tggctagcca catactggac cttacccac1440
tgacgtcttt cagaacattc caagggtttt cctcaaggaa catttttgag ctagaattta1500
aaatgggttc tctggcagac tgcaccctt gagtcaaaat taacagtatt cctttgaatg1560
caataataga ggcttttctg cgtaaaggga gaaggaatga ccaattgaac ttacacattc1620
cccaggcagg tccctttgcc ggcccctaca ggctgggggt gcccctcctg tcctcaggga1680
35 tcagactccc agactggtta gttctgcatg ttccatcaa attaaagggtt attccctggc1740
cgctcctg agaaaaacca cccacccctg ccagctgggg gcaatggggc agggattttg1800
gcctctcaga acagctccta gaggctgtc atgactgaat gttttcccaa atcacctaaa1860
tatcggtttg cttttgttt tgggggagag gatttagcct cttacttccc tgatggattc1920
aaagttttat ctatctcctt atctcctgcc ctgtcttggc acaactctgg atagattgca1980
40 ggtgtggaat ttgctggagt ttggtggctc cccaaattcc ttgatctgtc cgcaaagaga2040
ag
2042

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 430 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

```
10  gttaaaaacc tagtattcat tttttttttt cctgtaccaa aacaatcatc ttcctttatt 60
    tttcctggag cgggaagagg agagtggaga agaagggaag aatgcaaagt gtcactttga120
    acttctcggt caccacacac gtgggagtcg actcatgtca gcagcctccg tgcacaggcc180
    ccaggtgaaa gaaagaatga ggtctagttg gaccagctaa cactgcctgc cttgtgttta240
    cgaaaggcag ctgcctctgt ggtgtgattt caggggagcc agacagggcc ggggccacga300
15  acctgcatcc tgcatacctaa gcacctatct gccatgcggt gaggtctaac ttgggaaact360
    tcaatttgct tggggtgcag attagctttc caaactattg tgatgctcat gcttgacttc420
    ccaaggactt                                     430
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 592 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
35 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

```
45  aattaaaata aatagaaaca tacggagatt cttttatggt ggatttatta taccctccac 60
    cattttggtc cctgaaaagg gaaaagatac acggctcgagt agtacaggta tgtgtttccc120
    actacacatt atggctataa tggagttgaa ttgcaaacag taaaattttg ttttgattg180
    gtttcccctg atccccccag acaggagctt cctctcccac cctacctgcc tgcccttaag240
    ttgtgtccta ttaactgga cacaaatctc accggctttt agtctaataa ttgaatcata300
    gctacacacg gtgacaccag aatagctact tgttttttta tgttaccagt gagtaacttg360
    tttatccttg tatgtagaaa ctaatttcac catgatcaca gatctgtgta acatctctag420
50  tttgaatttc cacacaattt taaaatgtct actaggaaaa cttacacctt tttgttccaa480
    ggtgtgctct catctattaa aaccgtgggg gcatacttcc agtggttgctt ctgaggggcca540
    aattttgtgg gtcgtggggg acaattttgt attaacatac gttattttgt aa 592
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 674 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

25 aaggccgcgc aagtgcactt gcgtgtcacc gttaccgtag cgactgggct tctggactgt 60
 atatcctagc tgccctgtca acatcttcga gcatcggcag ctccggaggc cggggtaact120
 ggcagcaggt aggaactat gtgaaagaat ctccctgatgt cataatttcc ggggtgcacc180
 ggaacatttg atcatcatto ctttggaat tccagccttc tgtggaaagg ccagtagaaa240
 gcattgattt attcacctct acaggaatca gactcagcct cttttggttt tcagtgaagt300
 30 atgccttttc aatttggaac ccagccaagg aggtttccag tggaaggagg agattcttca360
 attgagctgg aacctgggct gagctccagt gctgcctgta atgggaagga gatgtcacca420
 accaggcaac tccggagggtg ccctggaagt cattgcctga caataactga tgttcccgtc480
 actgtttatg caacaacgag aaagccacct gcacaaagca gcaaggaaat gcatcctaaa540
 tagcaccatt aagtcttttg tcaaggctctg actagggtcaa gggtaatgga ccagtatcat600
 35 ctggtgatct ggtaaacaaa taaaagtggt ggcaccttta gatgatgaaa aaaaaaaaaa660
 aaaaaaaaaa aaaa 674

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 324 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 45 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

```
10 gttctttttca ttccatcact ttaggtgatg ggtaagattt ttgaaagcct tatatTTTTT 60
    gattttgttg tctagtttaa tcctaccttt aatagttgtg tttggtaaaa ttcccacttg120
    aatgtgacac tgataataat tatgctgatt tttagcatct cttataggaa tcaaagttta180
    ttaaagttac atagaggatt gaaaaatgta tatcactcaa tttttatcta aggagggata240
    ggtataaag ggaggtacct aaatagctca aataatggat ataatccttt tttccataac300
15 catttgggat gctttaaggc aatt                                     324
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 709 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
35 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

```
45 ggatgcggca ctataacatc cccgtcagag tgtgtgagga gaccagtcta tgagagacgc 60
    atgctcctga cagcctggcg acgtggcgaa gatgcacagg tggctcctgg gcttgggctg120
    caggtttggg ggtctctaag aacaatctct gagaagaacc cttgggcccc tgggagccaa180
    gttggacagg atgtcctgaa gactagcttt tgataagaga aattaaccaa gtctttcccc240
    tcatctatga tgcaatatat ttcagtgggg gccttcagag cacacctgtt ggacggtgca300
    aaccatatct tctccagaag gcaaatactt ttgtatcaga ggaaactcag ttttggagag360
    gaatatgttc tttatatctc aaatcaaaac tctctcta at ggtaaaactgg cttctaattt420
    ttttaagtac agtatTTTTT tttcccttt agtagtaacg ggtttctata gatcttccta480
    50 tacagtctgc ttttaactcag gaccttgaga ttatgagact gacgtgctgc cactgcact540
    gagggggcct ctaacagtct gctttaagt gtataattct gggatagatc tggtactggc600
    atagtcatga caacctctgg taatcttacc ttctccttt tatgaaggga agagcaatgg660
    tttggactta catctaaatt aaggctatt taagcagatt gttttgcaa 709
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 562 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

25 gtccagatgg aatgactccc atcctctcct catctcccct ttgacgagcc tcaaactgct 60
cagctcatca aagagccatt gccaaattcc gtatgtggtt ctgggtccca gggagccttg120
gaacctggca ccctggggtg gtttaattcc ggcacgagag cattcctgct tctcaaggga180
cacagtggcc tgcattggcc agcatggacc ctgggctgat catgtgcatt cctgcttctc240
tgaggacaca gtgggcccac atggggccagc atggaccctg ggctagagca agcacatctc300
30 catctcttcc acctcaggca gtgtggctcc agatgtcagg agggactgac ctcaggacct360
tccaggttcc tctgtgccag gaatgagagg ccaggcccga tcctaccacc tgccttgac420
cctgaagtca gagcaggcca gccaaagcagg aagcacactg ttttaatttt tgcattggaaa480
gtaaatgtgt actttgatag ggttaaaata tggctttttt taagttgctc aaccataa540
tttgagccat tgccttgctt aa 562

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 1948 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

```

gatcaccaag acacacaaag tagaccttgg gctcccagag aagaaaaaga agaagaaagt 60
ggtcaaagaa ccagagactc gatactcagt tttaacaat gatgattact ttgctgatgt 120
ttctccttta agagctacat cccctctaa gagtgtggcc catgggcagg cacctgagat 180
10 gcctctagtg aagaaaaaga agaagaaaaa gaagggtgtc agcacccttt gcgaggagca 240
tgtagaacct gagaccacgc tgctgtctag acggacagag aagtcaccca gcctcaggaa 300
gcaggtgttt ggccacttgg agttcctcag tggggaaaag aaaaaataaga agtcacctct 360
agccatgtcc catgcctctg gggtgaaaac ctcccagac cctagacagg gtgaggagga 420
aaccagagtt ggcaagaagc tcaaaaaaca caagaaggaa aaaaaggggg cccaggaccc 480
15 cacagccttc tcggtccagg acccttggtt ctgtgaggcc agggaggcca gggatgttgg 540
ggcacttgc tcagtgggga agaaggatga ggaacaggca gccttggggc agaaacggaa 600
gcggaagagc ccagagaac acaatgggaa ggtgaagaag aaaaaaaaaa tccaccagga 660
gggagatgcc ctcccaggcc actccaagcc ctccagggtc atggagagca gccctaggaa 720
aggaagttaa aagaagccag tcaaagttag ggctccggaa tacatcccca taagtatga 780
20 ccctaaggcc tccgcaaaga aaaagatgaa gtcaaaaaa aaggtagagc agccagtcac 840
cgaggagcca gctctgaaaa ggaagaaaaa gaaggagaga gagagtgggg tagcaggaga 900
cccttggaag gaggaacag acacggactt agaggtggtg ttggaaaaa aaggcaacat 960
ggatgaggcg cacatagacc aggtgaggcg aaaggccttg caagaagaga tcgatcgca1020
gtcaggcaaa acggaagctt ctgaaaccag gaagtggacg ggaacccagt ttggccagt1080
25 ggatactgct ggttttgaga acgaggacca aaaactgaaa tttctcagac ttatgggtgg1140
cttcaaaaac ctgtcccctt cggtcagccg ccccgccagc acgattgcaa ggcccaacat1200
ggccctcggc aagaaggcgg ctgacagcct gcagcagaat ctgcagcggg actacgaccg1260
ggccatgagc tggaagtaca gccggggagc cggcctcggc ttctccaccg cccccaacaal320
gatcttttac attgacagga acgcttccaa gtcagtcaag ctggaagatt aaactctaga1380
30 gttttgtccc cccaaaactg ccacaattgc tttgattatt ccatttatgc tggagattac1440
aaattttttt tgtgaaaaaa tcagatcttg gtgaggacct cgagcagtaa gatataaata1500
actcccataa gcttagcggt ccagtaatgg aacactaggc ataaatgggt tattcagttg1560
tgcaaatgaa agccatctga cagttggctc acattgaaca cctgtggaga ttaaggacga1620
ggacaactat attgatgggc ttggatgaac tggggcaggg cagctcatat ttcgggagcc1680
35 aggagaacga gtgagtgcta aaacctcctg tttctgtgt taaacattcc gtccctgttt1740
gagacatcag tatgtacagt taacttttgt tgagtgttta gcaggtaacta gggacatact1800
agtgttttcc ttaatgtatt taatcttcat aattatgaaa tgggtgctat tattagcccc1860
atcttataga tgaggcaact gaggttcagg gataaagtaa taaaattgcc tggggtcacc1920
cagccactaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa
40

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 483 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

```
10 aatttatggg gtctatcttt gaccacgtga taccacttac ctgattctat gtactgatta 60
   atgtatctaa cagttttata gtgaaagtac tttttaaaaa agtatttgaa tggtcatttc120
   tatttttccc cctttgctgt acaagttaat ttttactcat cttttgctgt acaaattaac180
   tttcatcaat acaaataaga ggctagtttt aagtcaattt atttgcattg agcccaggaa240
   caattaaatt ctataaagta atgtattaaa atagtacact ttaaaaaatta ttttccttct300
   ttttttctct ttaaatttta agaccatcat aataaattat cattacaaag tcaaacatac360
15 tatatactac tatcagtcaa tggggaaaaa ataagtccat atgttttatg ggtaaaatgc420
   tgtaatagat tgggattgtc caatttgctt tgaaaaaaat cacagcagtt tttaggtttc480
   cct 483
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 437 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

```
45 cccgcttgag gcgtaggggg tggcgctctc cgctcgggcg cgctcccatg ggcgcacatta 60
   ccattaacca gtacctgcag caggtgtacg aagccatcga cagcagagat ggagcatctt120
   gtgcagagtt ggtgtctttt aaacatcctc atgttgcaaa cccacgactt caaatggcct180
   ctccagagga gaagtgtcaa caagtcttgg aacccctta tgatgaaatg tttgcagctc240
   atttaaggtg cacttatgca gtggggaatc atgacttcat agaggcatat aagtgccaga300
   ccgtgatagt ccaatcattc ttgcgagcat tccaggccca caaagaagaa aactgggctc360
   tgctgtcatg tatgcagtag cgcttgacct ttcgagtggt tgccaataat gcagttcaac420
50 cagttgggta aggaagg 437
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 359 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

cagatctagg ggcttcagct gtgtgcagac cccatgccac ttcaggggaag tgacacaggc 60
ctgtgtcatc tcgctttggc agcaggtggg tggccttcct caggggagga ggtggcctga120
gatgtgtttc aggtctttga cccatcactc cctacacaca cgacgtgaac accactcctg180
gagcattctc agaatggaga tttgaattcc atgtggcagc ttctcacaca caaacctgcc240
atcattcccc acacacccac tcacgacatt caacagccat gagccaaaag aagttccttg300
tttcagattt gaaggtttta tgaatccact tcttcggat gtagctcttt aatgatttt 359

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 501 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

```

5   tcggcgctcac atcctgagtc gcgcctctgc cgaggcggag cggacatgca ggctccccgc 60
    ggcaccctag tcttcgccct ggtgatcgcg ctcggtcccg tcggccggga accttctagc120
    caaggatctc agagtgcctt acagacatat gagctgggaa gtgaaaacgt gaaagtcct180
    atttttgagg aagatacacc ctctgttatg gaaattgaaa tggaagagct tgataaatgg240
    atgaacagca tgaatagaaa tgccgacttt gaatgtttac ctaccttgaa ggaagagaag300
    gaatcaaac acaacccaag tgacagttaa tcctaaacct gaatggcgct catgttttcc360
    aagagaagca gccctgagg gagtctgctg aggctgcaa cagaggatga agaggataca420
10  aatttaatta atttcaaac aacatagaca caagaacct ttgctgtttc ttccaacgcc480
    cactcttctc aatgatggca t                                     501

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1102 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

```

    cgggatctcc cgaaggaatt tacggggatt cctcggacca ttatcctcag gcaagaaaca 60
    aaaccaaact tggactctcg tgcagaaaat gtagccatt accacatgta gccttgaga 120
    cccaggcaag gacaagtaca cgtgtactca cagagggaga gaaagatgtg tacaaaggat 180
40  atgtataaat attctattta gtcacacctga tatgaggagc cagtgttgca tgatgaaaag 240
    atggtatgat tctacatatg taccattgt cttgctgttt ttgtactttc ttttcaggtc 300
    atttacaatt gggagatttc agaaacattc ctttcacat catttagaaa tggtttgct 360
    taatggagac aatagcagat cctgtagtat ttccagtaga catggccttt taatctaagg 420
    gcttaagact gattagtctt agcatttact gtagttggag gatggagatg ctatgatgga 480
45  agcataccca ggggtggcctt tagcacagta tcagtacat ttatttgtct gccgcttta 540
    aaaaataccc attggctatg ccacttgaaa acaatttgag aagttttttt gaagtttttc 600
    tcactaaaat atggggcaat tgtagcctt acatgttgtg tagacttact ttaagtttgc 660
    acccttgaaa tgtgtcatat caatttctgg attcataata gcaagattag caaaggataa 720
    atgccgaagt cacttcattc tggacacagt tggatcaata ctgattaagt agaaaatcca 780
50  agctttgctt gagaactttt gtaacgtgga gagtaaaaag tatcggtttt attccttgct 840
    gatgtccttt ctgcttgaaa taacagtcac catacagcta aaggagagga gtttcttcc 900
    ttctaagtag gcagaaatgg tatcattatg ttgccgtctt ccaatctccc agagctcgct 960
    ctctagagaa tcaccttctt tcgcgttttt tttttttttt gagggtagga gtctcactat1020
    gttgcccaca gactaggcct gggaactgtt ggggggccaa ggggattgct cccgtcccgc1080
55  aggcctcccg agtaggccgg ga                                     1102

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 306 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

25 gaccaacctt ccctgccatt tatacggcat aaaaccctca atctcaccag tatggctacc 60
aaaattatag gttcacctga aacaaagtgg attgatgcaa cttctggaat ttacaactca120
gaaaaatctt caaatctatc tgtaacaact gatttctccg aaagccttca gagttcta180
attgaatcca aagaaatcaa tggaattcat gatgaaagca atgcttttga atcaaaagca240
tcttgaatcc attttttttg aaaaacctta aaaaggcgca tcacaatttt tttgaacaag300
30 ggtcat 306

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 2042 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:105

```
5   tggagatatt agtcagtttc tttagtata tttgtttcct tgatgtgcct ttttgttttt 60
    ctttgggggt tttggaatcc ggatgctgtt gaagggaat agcagactcc tccagctaag 120
    agacaggaca tgttcttgag ccactgtagc tgttgaagct ggacaccaga cgctccctat 180
    aacccccccg ccaggccata gcgtgtatgc atgtgcactt ccaccacagc aggagggtgt 240
    gaagccttga gaacctcaag aaagggtgtg attctgccat acctttgggt ctaccttggg 300
    actgctgggt gccaacgtgt caaccagcct gtgttccctg ccaccacgc acttgcctgag 360
10  gtgtggctga ggcagaatca tgtgaatggg tgcattcaag gagttcaggg ccctgcttgg 420
    agaagaaata ctttagcatc atgaaaggga aagaacgtgc accccttttt tgtttcttta 480
    gtgaatgcaa gatttaataa aagtgaataa tgagcttccc ctttgggagt ggagcccagt 540
    gcagctcact gacagggttg acatcagtat gatgtgttgg actgaaactg tatgtctgta 600
    ggtaggtgtg tgccttttag ggacagccac ggtggccacc ccatttctcc aagggtgttt 660
15  acctagcttg tgtatattag acattgccac cctcacctct ggccaaaaat tcttgattta 720
    aaaagaaaag tctattttgt taacgacagg ctctgttcta tgtgttacta tcccaagcct 780
    ggattatttt atttatttaa aagtatttta atttccatat tggctttatt ctaatcccat 840
    ccatccctgt ggagctgcag agcatcttca tgtgagtaga cggatggaca taaatagatt 900
    catgctcatt taggaagctg ggagtttctg gaagctgagg gtgagttcct gtgattcctg 960
20  ttcgcttcaa caaaaagtgg gagaccaagt ttttatagca aaagaccaa ttagctgtag1020
    agtcttgaat gcagaaaaaa attaccctag ctttcttagc acttagggtt ttgtgaggat1080
    tcagtgttta gcacagtgtt tggcacatag taagccctag taaatgttaa atattgttat1140
    tagtgtttgc taaaacttga gaaatagagc tgagctcatt cccttctctg tgattcaaaa1200
    ataataccta catgaaaaca tgattccaag ttgattgaat gttgtaggaa ttactgggtt1260
25  agagtagccc agttctcggc ctaccctgct ggttgggata ttactgtatt cttgaatgca1320
    ctggtttgaa aatatgccag acttcagccc ccaaggaaac aaggctgcaa gaatttatga1380
    actccagctg gaaaaggtaa agtgacctt tggctagcca catactggac cttacccac1440
    tgacgtcttt cagaacattc caagggtttt cctcaaggaa catttttgag ctagaaatta1500
    aaatgggttc tctggcagac tgcaccctt gagtcaaagt taacagtatt ctttgaatg1560
30  caataataga ggcttttctg cgtaaggga gaaggaaatga ccaattgaac ttacacattc1620
    cccaggcagg tccctttgcc ggccctaca ggctggggtg gccctcctg tcctcaggga1680
    tcagactccc agactgggta gttctgcatg tttccatcaa attaaagggt attccctggc1740
    cgctcctctg agaaaaacca ccccaccctg ccagctgggg gcaatggggc agggattttg1800
    gcctctcaga acagctccta gaggctgctc atgactgaat gttttcccaa atcacctaaa1860
35  tatcggtttt ctttttgggt tggggagag gatthagcct ctacttccc tgatggattc1920
    aaagttttat ctatctcctt atctcctgcc ctgtcttggc acaactctgg atagattgca1980
    ggtgtggaat ttgctggagt ttggtggctc cccaaattcc ttgatctgtc cgcaaagaga2040
    ag                                         2042
```

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 320 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

```
aatcttttta ccatgaaatt tcttcagaa ttttccccct ttgacacaaa ttccatgcat 60
gtttcaacct tcgagactca gccaaatgct atttctgtaa aatcttccct gagtcttcca120
10 agcagtaatt tgccttctcc tagagtttac ctgccatttt gtgcacattt gatttacagt180
agcatgttat ttacaattg tgactctcct gggagtctgg gagccatata aagtggtaa240
tagtgtttgc tgccttgaga gttgaatgac attttctctc tgttttggta ttactgtaga300
tttcgatcat tctttggtta 320
```

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 506 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

```
gtcgaacagc aaagccaaga cttgttaaaa aggtttgaag aggaaggacc ataacaattg 60
40 aaagggggaa attataagat acagtaaatt cctcttcaaa gatttagcct gttgacttcc120
ttattctttg ttctcaaact cgacttcctt gttgtccatg cctccttgct cctagttact180
gtgaacaacc ttcccaccag ttctaataca taactcacat ctgctccctt ggtaaccac240
tctgcaccca ttcttccac tgaaactgca ctcccacca ctgtaactca catccccctt300
cccttcctta ttgggaaaag tattcacaaa tagccaatcg ggtcaactta gaatgagcgg360
45 tccaacccca gccctgggg gagtgacaca gaggtaggga ctgtgttagg gataaaaacc420
tttcccttc tttgttcagt gtgctgctgt gatcatgatt gatgcaggca gcagcctttt480
tgcagaagta aattgccttg ctgagg 506
```

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1276 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:108

```

20 gcgcggccgg cgccctgcggg gcgagagggg cggggcggaag gggaagctac gtcccggagg 60
   tgcggtgtgg ggcaccgggc ggggcgcggg gaaccggcgc cccacggagc tgctgctgtc 120
   agaccaaccc cgggccccca tcatcactgc gccgcgcttt caggcgccga gaactaccgt 180
   tcccggcatg ccatgaaatt ggcctcggcg ctgaggcggg gtccggccct ccaccgctc 240
   ccgcgcgcgc cgaatcgcgg tcgcgagcca tggaggagga ggcatcgtcc ccggggctgg 300
25 gctgcagcaa gccgcacctg gagaagctga ccctgggcat cagcgcgcat ctagaatctt 360
   ccccagggtg gactgagggt accatcatag aaaagcctcc tgctgaacgt catatgattt 420
   cttcctggga acaaaagaat aactgtgtga tgcctgaaga tgtgaagaac ttttacctga 480
   tgaccaaatg cttccacatg acatggagtg tgaagctgga tgagcacatc attccactgg 540
   gaagcatggc aattaacagc atctcaaaac tgactcagct caccagctct tccatgtatt 600
30 cacttcctaa tgcaccact ctggcagacc tggaggacga tacacatgaa gccagtgatg 660
   atcagccaga gaagcctcac tttgactctc gcagtgtgat atttgagctg gattcatgca 720
   atggcagtg gaaagtttgc cttgtctaca aaagtgggaa accagcatta gcagaagaca 780
   ctgagatctg gttcctggac agagcggtat actggcattt tctcacagac acctttactg 840
   cctattaccg cctgctcatc accacctgg gcctgcccc gtggcaatat gccttcacca 900
35 gctatggcat tagccacag gccaaagcaat ggttcagcat gtataaacct atcacctaca 960
   acacaaacct gctcacagaa gagaccgact cctttgtgaa taagctagat cccagcaaag1020
   tgtttaagag caagaacaag atcgtaatcc caaaaaagaa agggcctgtg cagcctgcag1080
   gtggccagaa agggccctca ggaccctcgc gtccctccac ttcctccact tctaaatcct1140
   cctctggctc tggggaaacc ccaccgggga agttgaggca cccttccttc caatttgcct1200
40 aaccagtttc caggagtggg gtgggttttt ccgtggcaca ggttggggcc ttaggggggg1260
   ttggacgttc cttttt                                     1276

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 373 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

15 aaatacattt atgtttcttg aaatgtgta agtggccttt gtcaaggtgt ttataataga 60
agagtatata aaaatgaatt tctctagaga tgcagcatac tctaaagatc catcattaga120
taattaaaaa tatgtaagtc atgctaacat ttccatatat aaatggagaa cattaactct180
cctactgttt agttataaaa taccaaattt tgtaattatc ctatctggaa ttacactata240
ctgcaaaaat gccagttact tcacttttaa atttgacaat gtatgtgatg aattataaaa300
tttaatagcc tacatctttt cctccttgta tccaaatttc tccggacctt aatgcttaaa360
ccttttggtt acc 373
20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 492 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

45

gtcttttgaa atctgtttcc actacagcta tggccaagtc tatcagccgg tgctaccagg 60
agtcactgcc agggctgccg ttctcctgaa ccccagtggc cagaatcata agccctgacc120
ccatccctag aaagatgagg tcccagcaat ggccagagca tttctcacca gttctgtgag180
atagcacata aaaatagagt tctttgggca aaacttttgg gaagcaatgc atcctacatg240
50 ggctgatatt cagcctgagc tgttctcaag aggagagtgg tactggcagt ttatggctga300
aatccattct gattggttgg agtctatgct ataccagttg ttaaacattt tgagtatcac360
tcttgcatatc tgttactatt atatttcctc tatatataga cagaaaggcc attttaggaa420
tatttaaagg gctcttgaaa attttctggc attagaccca actgaaggtt ctattaaggc480
agggttccta aa 492

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1678 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

gcctcagcag actccttggg cggtagcagg gagatggtgc aacggcccca gcctgcacag 60
gaaccgagca ggcctggatc tgccaacccat agacacggga tatgattccc agccccagga 120
tgtcctgggc atcaggcagc tggaaaggcc cctgcccctc acctccgtgt gttacccccca 180
30 ggacctcccc agacctctca ggtccaggga gttccctcag tttgaacctc agaggtatcc 240
agcatgtgca cagatgctgc ctcccaatct ttccccacat gctccatgga actatcatta 300
ccattgtcct ggaagtcccg atcaccagggt gccatatggc catgactacc ctcgagcagc 360
ctaccagcaa gtgatccagc cggtctctgcc tgggcagccc ctgcctggag ccagtgtgag 420
aggcctgcac cctgtgcaga aggttatcct gaattatccc agcccctggg accaagaaga 480
35 gaggcccgca cagagagact gtccttttcc ggggcttcca aggcaccagg accagccaca 540
tcaccagcca cctaatagag ctgggtgctcc ttgggagtcct ctgcagagct 600
gagaccacag gttccccagc ctccgtcccc agctgctgtg cctagacccc ctagcaaccc 660
tccagccaga ggaactctaa aaacaagcaa tttgccagaa gaattgcgga aagtctttat 720
cacttattcg atggacacag ctatggagggt ggtgaaattc gtgaactttt tgttggtaaa 780
40 tggcttccaa actgcaattg acatatttga ggatagaatc cgaggcattg atatcattaa 840
atggatggag cgctacctta gggataagac cgtgatgata atcgtagcaa tcagcccca 900
atacaaacag gacgtggaag gcgctgagtc gcagctggac gaggatgagc atggcttaca 960
tactaagtac attcatcgaa tgatgcagat tgagttcata aaacaaggaa gcatgaattt 1020
cagattcatc cctgtgctct tcccaaatgc taagaaggag catgtgcccc cctggcttca 1080
45 gaacactcat gtctacagct ggcccaagaa taaaaaaac atcctgctgc ggctgctgag 1140
agaggaagag tatgtggctc ctccacgggg gcctctgccc acccttcagg tggttccctt 1200
gtgacaccgt tcatccccag atcactgagg ccaggccatg tttggggcct tgttctgaca 1260
gcattctggc tgaggctggt cggtagcact cctggctggt ttttttctgt tcctccccga 1320
gaagccctct ggccccagag aaacctgttg tcagagctc ttccccggag acctccaca 1380
50 accctggctt tgaagtggag tctgtgactc ctctgcatte tctgctttta aaaaaaccca 1440
tgcaggtgcc agtgteccat atgttctccc tgacagtttg atgtgtccat tctgggcctc 1500
tcagtgttta gcaagtagat aatgtaaggg atgtggcagc aaatggaaat gactacaaac 1560
actctcctat caatcacttc aggctacttt tatgagttag ccagatgctt gtgtatcctc 1620
agaccaaact gattcatgta caaataataa aatgtttact cttttgtaaa aaaaaaaa 1678

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 866 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 20 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:112

25 gtcgccatga ctgccaaagga ctgctccatc atgattgcac tgtctccctg tctgcaggat 60
 gccagctctg atcaaaggcc tgtgggtccct tcatcgaggt ccagggttgc cttttccgtg120
 tctgtgctgg accttgacct caagccctac gagagcattc cccatcagta taaactggac180
 ggcaagatcg tcaactatta ttcaaagact gtacgtgcc aagacaacgc cgtgatgtcg240
 actcggttca aggaaagcga agattgcaca ttagttctcc acaagggtcta actctttccc300
 tgcagtgctt ttgaaacttg aacataatgt gaaggctgaa tgatagagat attttctgtt360
 30 gtgttgggtg acctttggtt gtgaatgttt ttgcttttaa ccccttttga ggtgggattg420
 cctcttggag acatggaatt gaagagcact agaaacaact tcctggacaa ggaatgtagg480
 aagtgagtgc tgtgtcccag gaagctgctc acactcttaa aatggaagtg tccgttaagc540
 cctgggaaga cgttctggat agttcttctt tcccaaccag ggctcatgtc tgattctcta600
 atgcgaaaag ccttattcta agaccgaagg tttggatctg ctaccaccag actcctaaca660
 35 tagaaaactt gaattgtcac atacatttta cagtttggac ttttaagaaa acatggatac720
 tactgggaac ttccccagc tgagttacat gggcactttt tcagtgaag ccacatatca780
 acacagggtt ttaaggtggg tgcttggtg cacacgtgaa ccccgtaggc ccccgatgc840
 cgattctgag ccagtgtaga ccagg 866

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 1434 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

```

10  gcgcggccgg  cgcctgcggg  gcgagagggg  cggggcggaag  gggaagctac  gtcccggagg  60
    tgcggtgtgg  ggcaccgggc  ggggccggcg  gaaccggcgc  cccacggagc  tgctgtgtgc  120
    agaccaaccc  cgggccccca  tcatcactgc  gccgcgcttt  caggcgccga  gaactaccgt  180
    tcccggcatg  ccatgaaatt  gccctcggcg  ctgaggcggg  gtccggccct  ccaccgctc  240
15  ccgccgcgcg  cgaatcgcg  tcgcgagcca  tggaggagga  ggcatcgtcc  ccggggctgg  300
    gctgcagcaa  gccgcacctg  gagaagctga  ccctgggcat  caccgcgcatc  ctagaatctt  360
    ccccagggtg  gactgagggt  accatcatag  aaaagcctcc  tgctgaacgt  catatgattt  420
    cttcctggga  acaaaagaat  aactgtgtga  tgcctgaaga  tgtgaagaac  ttttacctga  480
    tgaccaatgg  cttccacatg  acatggagtg  tgaagctgga  tgagcacatc  attccactgg  540
20  gaagcatggc  aattaacagc  atctcaaaac  tgactcagct  caccagctct  tccatgtatt  600
    cacttcctaa  tgcacccact  ctggcagacc  tggaggacga  tacacatgaa  gccagtgatg  660
    atcagccaga  gaagcctcac  ttgactctc  gcagtgtgat  atttgagctg  gattcatgca  720
    atggcagtg  gaaagtgtgc  cttgtctaca  aaagtgggaa  accagcatta  gcagaagaca  780
    ctgagatctg  gttcctggac  agagcggtat  actggcattt  tctcacagac  acctttactg  840
25  cctattaccg  cctgctcatc  acccacctgg  gcctgcccc  gtggcaatat  gccttcacca  900
    gctatggcat  tagccacag  gccaaagcaat  gggtcagcat  gtataaacct  atcacctaca  960
    acacaaacct  gctcacagaa  gagaccgact  cctttgtgaa  taagctagat  cccagcaaag  1020
    tgtttaagag  caagaacaag  atcgtaatcc  caaaaaagaa  agggcctgtg  cagcctgcag  1080
    gtggccagaa  agggccctca  ggaccctccg  gtcctccac  ttctccact  tctaaatcct  1140
30  cctctggctc  tggaaacccc  accggaagt  gagcaccct  ccctccaact  ccctaccagc  1200
    tccagagtgg  tggtttccat  gcacagatgg  ccctaggggt  gacctccagt  tttgcgtgtg  1260
    gaccgtaggc  ctctttctag  ttgaatgacc  aaaattgtaa  ggcttttagt  cccaccgaca  1320
    ttagccaggc  tcgtagttag  gcctccagag  cagggtgtgc  tgtcccctgc  ctctggaagc  1380
    aatggggaat  gtggaatcaa  gacaatgccc  aaaaaatttt  taatgcagct  ggctc  1434
35

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 914 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

```

5      ttggcagcgg ggagagggaa agaggaggaa atgggggttg aggaccatgg cttacctttc 60
      ctgcctttga cccatcacac cccatttcct cctctttccc tctccccgct gccaaaaaa120
      aaaaaaaagg aaacgtttat catgaatcaa cagggtttca gtccttatca aagagagatg180
      tggaaagagc taaagaaacc accctttgtt cccaactcca ctttaccat attttatgca240
10     acacaaacac tgtccttttg ggtccctttc ttacagatgg acctcttgag aagaattatc300
      gtattccacg tttttagccc tcagggttacc aagataaata tatgtatata taacctttat360
      tattgctata tctttgtgga taatacattc aggtggtgct gggtgattta ttataatctg420
      aacctaggtg tatccttttg tcttccacag tcatgttgag gtgggctccc tggtaggta480
      aaaagccagg tataatgtaa cttcacccca gcctttgtac taagctcttg atagtggata540
15     tactctttta agtttagccc caatataggg taatggaaat ttcctgccct ctgggttccc600
      cttttttact attaagaaga ccagtgataa ttttaataat ccaccaactc tggcttagtt660
      aagtgagagt gtgaactgtg tggcaagaga gcctcacacc tcactagggt cagagagccc720
      aggccttatg ttaaaatcat gcacttgaaa agcaaaccct aatctgcaa gacagcagca780
      agcattatac ggtcatcttg aatgatccct ttgaaatgtt ttttttggtt gggttggtt840
20     aaaatcaagc ctgaggctgg gtggaaacag gtagcctaca caccctaaat tgggggtggt900
      cccgggggaa tggtt                                     914

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

```

25     (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
      (A) LÄNGE: 685 Basenpaare
      (B) TYP: Nukleinsäure
      (C) STRANG: einzel
30     (D) TOPOLOGIE: linear

```

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

```

40     (vi) HERKUNFT:
      (A) ORGANISMUS: MENSCH
      (C) ORGAN:

```

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

```

45     (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

```

```

      gaaaatccag gggatgaagaa tagatctgtg gtggcagggg tgggaaagc ggggaggatt 60
      tgccactactga ggggcagcac aagagaattt tgcggggcga tggatctgtc tgtatcttga120
50     ccatagtgat gatacatgac tgtgcatttg tcagaactca caggactgaa tgaaaagaga180
      agtgaatttt actgcatgtg aattgttaaa ataaatgcta gacagtattt taaaaatcaa240
      gccagatcc tgcaagacat tatggctccc caccagaagg ggagagacgg ggaaagagaa300
      gtgtccccaag agttaaccca cgttccctgg gaccacctc cctccccact gccacttccc360
      accagcctca cgacagggcc aggccttccc ctttgagct cacagcccag cagatgttag420
55     gtcagaatgc gtcccctcac ttgactaaag gtttacagcc agcagggtgg gaaatgaacc480

```

```

agatattaac acccctcct ccatgcctg cccaccttct gggccagtac cagtgaaggc540
aggaagccac ttctccacc cccaggtgt tcccaaagcc ctggaagaac ccaaggaaag600
gcaggagcca agttgggagt tgacctgat gaccaggggc cagttggccc agtttccctt660
gtttagttgg ggggagggaa ccctt                                     685

```

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 2646 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

```

30 ttaatttaaat agctttcatg tgattaaaaa tagctaacta gactcaagga ttcacaatat 60
   ttaggtgtat tttcaatacc tccagaaagg aaacctcagt taatcagagg aaatagtttc 120
   agtcttcatt tgagcatgtc tttccatctc aaaaaaatac tcttagtagg ttggagtga 180
   gatagcaagg ttttgaagca tatgtgtcct aatccacagt gacacttttt atcttcagg 240
   agcactccta ggaggttccg tgcctaatac atgttgactg ctttgcagat ctcaaggga 300
35 taaaatgaca aaagcaggga aagttacaga ttcaaacagc attttaactc atgttgatct 360
   ggataattaa tcttttctaa agatgtgtag tttcttgaa aacagtgata tcacatgatt 420
   aaaattacat ttttatcaac ataattgtct ggaaaagata agccctcaa ttttctacca 480
   gttgactttt attcattaga tacagaaggt gcagtattac acatcaccag ctgcctttgt 540
   gaatggctca ctacacagcc attggggtag aactgtgtgc atgggcagaa acagcaagt 600
40 ccctcattgt ggtcattggg tggggagtgc cttttgtcaa ggagtctgca ggaattggct 660
   tatttctgta tgccaaagtg atcaacacac caaagtctct gccataaaga atgtggcttc 720
   cttgcatcct ccatcctgtt actctgggcc cagtaatttg atgtaactgt ctgattgtac 780
   tagagacagg agtataccca gcttattcat aatcaagtaa agagactcag attagatttg 840
   attttttagc ctctctaga gccaatcagg cagttaagag taataaagga aaagggtttg 900
45 gtcacaaacc ctaccattat ctggagatta ctctctgtc cactcctgtc ttgccatgca 960
   cgtcttgccc cctcactttt gctcagccta gcagtctact tcactttatt gccttgtaag1020
   tgtcaggcct cctgggcgct ctggaaaaga caggagacca ggcctctca cccctactgg1080
   taacagggtca ttgctgggtg cacaagaggg aggtgatttg catcatggtc atgctgcatg1140
   ggcttcactg ggatgctgtt aaacaccaga ggagccaacc tatcagaatc ccagcagcaal200
50 aggaaaaactc agattttaga ggctttttac aataaagtag cgtaactcta ggtcatgatt1260
   gatttcaaat gcctgccatg aatgatttgt aagtaattat gtaggatcca tcaaagcagt1320
   attgtaggct tttgaattgt cccagtggat cggggacccc atttactgt ctctcttgat1380
   cgtgttaatg atgcaatcag agttcaagac agggcccatg aagtctgact gcactgggat1440
   ggagaaatga atttcttccc actgaaggaa actctttctc attcgagacc aagacgggag1500
55 tgccactgtt cctctcttca ctctctgagat actgcttctg gaagcgggtg tcaacttctc1560
   tctagtacct ctctcttct ctgaagtgtg tgactatctc ctagtgttta aatttggcag1620
   ttactcgcca tgtatgtcag catagaaaag gaaatgtttt taccttatct cctgtatgta1680

```

```

      tgatagaact taaaagaaat gtgcatttgt tttcatagcc ccagcagaga aaatcctctt1740
      catagattaa atgtgctgct gtggacagga gggaaaaaaa aacctctac atattgaaag1800
      gcaccaaagtg taatatctga cactgttaag atgcccaaaa gagcaaagtt gtagtggaga1860
      tgcagggtca tttcccatg ccatccacag tgtttgttag tgagtccacg gctgacttgc1920
5    agtgataaag aaaagcatgg agctgtgtct gcagacaatg gtggctgcat ctgtaagtgg1980
      cttcagaggc agcagccctg gggaaattga tgggtgtggc agtggacctg tgaagaggga2040
      gaatctagcc ttcagcctgt ccagtgttaa ccactagaga aactgagctt tatatccttt2100
      tttaatgcct gtgaatttta gcatattgaa acattagagc aaataactcag gggatttttc2160
      attaaacatc cctcagataa tttagctata tatcattaga aagggaagc tatcattttt2220
10   attttaaaac taaacaaggc catcttataa actgtcacca aagtcttccc ttttttattg2280
      catgtgtgcc ttgaatttca taaaacatta attcacaatg ggggtcagaa tgtactcttg2340
      ttgaaacact tcttgtacca ttttatgttc atattatgtt tgagagggta aaaatgtatg2400
      agcagcttaa ctgaagtaga actattcatg atgcttttca cacattgtgg cataagatgt2460
      aaagtttgta attaatgtta atttctgtgc attttaatat tcttttataa ttattaatgt2520
15   taatttctgt gcattttaat attcttttat aattatgagc attttaataa attcattttt2580
      acaacaata aaaaaaaaa aaaaaaagga ggaagggaag aggaagaagg aggggggaag2640
      aggaag                                     2646

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 2667 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

```

      ttatcttggg agtctgtgta tcaaaatgaa gaattcagat ggtaggaggt tctatagtcc 60
45   ttttaaagct gactcttgag tgtcagttga atatccatta aattggattt ggaaataacc 120
      tgaggaaagt attatgaatt cgatctgcac agatgcctct tagctgatag gtggcaggcc 180
      tgtgggtttg ggttctccct cttttctctg gaacatatga caattccaga ttaaagaaaa 240
      atgtttttta ataaataccc ttgggtctttc ttctagtcac ctttgaggta gatattgtga 300
      ttttctggag tatagtatat ccgtgtctct gtgtcttagg ttactagat gcaataatac 360
50   ttctctttga catttgtact gaagtgtatt gatattaagt aaaacagtta atgtttgaat 420
      ataggcatat ttataggttt tttccgctcc cccccaaccc acccttttta aaaaatctat 480
      acaaagccct tgtttgagtc tcatcatgca catcaaatca tggagttagg tcttctctga 540
      gctcagggga acacaagtgc acagagagag atgtcttgag ggtcactacc aaagaattac 600
      cctcattgtc cctcactcag gccatgtgta catgcgatgc tgctgagtgt gctgggggtg 660
55   gtgggtggcca cgtgggtccc ccagagcact tcctaactgg caagctggga gaccattac 720
      tgggtgaact tgtggaaatt agaactgtat cttttacata atcttggcat attacatttc 780
      ataataaaaa catacattta gttgcatgct acatcactat tgattttata attaatctct 840

```

```

5  taagcttcaa ccatgtttta taccttattt cgttacatca tatatttgta atgtgtaata 900
   tgaaatcttt tgctttaatg tcttttttta aaatgtagaa tgttctaaac ttgaaaggca 960
   attgaatgta gtatgatgaa aatgtgaatg ttttgctgct ttcattgacca aagatacagg1020
   gctagtggac atttagaata ataattaaag ctagagtctt gtatgtcttt tctttgaagg1080
10 agttctaacc ttgtaaattg agaatgactt cagagaattt tgattaagaa aacattaaaa1140
   tcttaaccgg cacaaacact ccaatttttt tcactgtgaa gccgcaagca attttttttc1200
   tttttctttc aaaagcctgc cttctgaatt tatttcttgt ttactcattt cagagagggt1260
   agtaaagaag atctatttct ggtagtcata tcgcttgaaa ggtattggta aatgtgtttt1320
   cagtgcgtgac catgtggaaa gtgaacagtg ttggcaaaac ttaccgagaa aatcatgctt1380
15 ttcaagatgc ccttgctttg ggatattcctt cctagggaga aaaaaaaaaa gtagtttaac1440
   aattgtgaat tccatttctt atttcagttt ctgctgcagt aatgggttcc caccactat1500
   aattcccagc atttatgttc tgttgatttc tccccttagc ccagtaacat ttttatcta1560
   taccocatcc cccaagtttt gagacagatt gacccctac tcattatgtg gctctagttg1620
   aattttaaaa tgtggaatat tgggcttgca ggcagtagga gctgcaaate tggtagagt1680
20 ggagtgtgga gttaatgggtg agtatgttaa taaagggaaa ctgtctctga cagaatctca1740
   gtaatgttta ccaaaacatg tctttctaca gctggtagga taaatgatgc taccctgtag1800
   ctacagctaca ggctgcagtg caaacttttc ttccatccag agaaagcaga attccctcct1860
   agtaacctca ttacaaatac tgttactaga agggcatgtg ctgtctgtca ccttcagtaa1920
   tatttgtgcc atctcttgat gactgatgac ctggatcgag tatttctatg aagggctctt1980
25 ttagggccct tacatacgca agaggggtgc tctagtcca tagctgtagt tcacaggaag2040
   gacaccagga gaagtatac ctagggtac tgagcagctc atcatccctg tttctgcaca2100
   gtttcctgaa actggccatc agggcctctg aggcactcaa atcagtttac ttttagcatg2160
   ccccatcag ggtgggtctc actgttagtg aggatacggg tctgggttga tgttttcta2220
   ggcaaaatgc ttaagtgttc tggttatgcc attcattcat acgatgtgtg aaatttgctt2280
30 aaaagggaat tttcatgatt tgatttagat tagtatttaa atatctgctt tagatagcaa2340
   ttaattttat tgtaaaaata aggaaaaata tgtgaatatg tgaatttttt aagcctgaga2400
   gatgatagaa tgttcccata tttttcttgt aaagaaaaata atattttaac ttacacatcc2460
   ttagaaaaat accacctttt ccccttgat tacagtacaa tgtttacatt actatactgt2520
   caagctgaaa gtataaaaaa tgtacatata cattttgagt tatgtatcct ttttttaaaa2580
35 aaagggtgcg ggctgtggca ctgggtgga catgactaaa gttgacagag gctatgctag2640
   atttataatc actagtctct ggacttg
                                     2667

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 544 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118

```

catctgtgca tggatgagtg gccgactttg gagcccaggc tgttacttcc tggctctggtg 60
gtgaatcctc catagtctga gagtaagatc cttgatactg gctcagcatg gaacatctgg120
cacacagtat gcaactgagga aatacttggtt ggaataatca gtgaatcata gatgaaaact180
taaccttgga attaattatg agactgctca gaggaagaga atgggagaca aaggacctgg240
5  tgattagacc cccaagacac tgggctgtct gcttgtgtct cgggtggaac aggccagcg300
agagtcttta gggccagaac tcaaggaatt tattgagcca tggcaaacag gcagtaaaca360
gcccattctg gctgctgtat tgagaagaga atgtggtgga cagatataga agcatggaaa420
cctgataggg ctattgcaat cactcagaaa agaggcgatg gcagcttgga cctgttgaag480
cagtagagtg ctttccaggg aggagaaaagg acctgaaggt taatttgatc accatggggcc540
10 atga 544

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1340 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

```

gtttgatact ttcctgcact taggtttgtc ctattcttca tttattcaga ctaggataga 60
aaattttggga atcagaaaaat agatccagtg tttagctaca tacaatctag tacaagtga 120
tttttattct taaacatagg tgtgttggtc ctttttttaa aagatgcgct ctacctgaaa 180
40  aggaaattgg attttagaac tggatgtggt gcagtgaagt attttaggcc caggctctgtg 240
tacacatttt atagaagaaa tgaagtactc tgaagtattt tgggtgcctt ttcatttcaa 300
ctgtgttttg aatttgtcag atcacacata tattgtgtta ttgggcgctg tggatatctt 360
tataaaacct cttgcttgtg tgcaaaaagt cctaaaagga aacacaagta atgcctatcc 420
attactagca tgctatgctg catgctttac tgccattgct gtatgcttta ctgtctttgt 480
45  aaaaaatccc ctctcccctt ttctggtaac tggaaaagca tgctaaaaat agtcttata 540
tttcacccca taagtgcaga atcagtaatt ccttggtcta aagctcttat ataataata 600
ttattggtgg taaataccaa gtttggtatc tcatagctat ctttttttaa agaaattaag 660
ttcttgaaaa tttagccaaa tcccgtttta tgggaatgct ctttagaatt cattttgttc 720
agcccccttg ttctatgggt gagaaatctg aggccttacg aagggttaaga gaactttccc 780
50  cgtgtctcac aggtaggtag aggcagagct ggaactagat atctggtctg ttgactctag 840
ctcagtgtct tctggttaact gttgaaaatt gtcttagttt gagagatggc tgaataaatg 900
aacataaaaat gctatttata ataacaagta tatgtgaaat ttcttattgt aagactacta 960
ccggcttact gttgaatagt ttggttatag tgtttaggct agaaatgcct cccacattgg1020
taataaacat tacaaaatac aatgtatttt taggtaggca ttttataaaa tgcattatgc1080
55  catggttgct tttgagatag attgtagtct gggtagcatc tttaaaatgt atgtgggctt1140
aactgttggt catatcagga gatgctctga ttgtataggt gagactctgt ttctgttatt1200
tttaattgct gtatgaaatg tgatcagatt attttactac caacagttat agtttgaaag1260

```

tcctaactgta ttaattgact gataatatga taatatagag attaaattgt ttgtcttcat1320
 tccttaaaaa aaaaaaaaaa 1340

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 2376 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

30 ggatatgaat aaattggttaa tataaagtcc tacagaaatt aatttatgaa atttctctaa 60
 atcacacaaa acttaaatatc agatgactac taccctgaga ctgaaaaata tggtctaat 120
 tatagtgtc tttttgggca gttttggtgt cagaatacct atcaacacat tcttttttta 180
 ttaggaaaaa aaggatgtct acataacaat ttgtaaagt ataaaatcca ttagttttta 240
 agtcttctga tagcattggc tattataaga aacaagtatt tgctctcggt ttaacggga 300
 taataatgct atgtctacat aaaatgatt ctaccacctt aaatagctca ctgtagaaat 360
 35 tcatgtataa atggaacct atagtacata catatcatac tcttaggtct ggcaaatatt 420
 tgaggttcat ccatatttta tattcactca tcagtagttg taaacacatt cttaaagtag 480
 cttttcaga tatgaataag cagggatgaa ataagtatta gggtaaaggga aatggttgag 540
 gctttcctaa gtgaagtgt aaaaccacag ctttcttttt aatgggatgt ctaatatgca 600
 tttatctgtt caagcatttt aagatttcca tgaaaatgtc ctgaaaaatc aagattcttc 660
 40 attgaggggtg aggatctccc aatgggagac tgctctgaaa agagcatgtg ctttttgaa 720
 tagataacct actataatca tggatgttct tgaatactta gcaaacatac cagcatcca 780
 aagtcaccaa gataaacctt cctactccaa catcacatga tcttctaatt ctacctgtaa 840
 aaataagcat aacaattaat tagaatataa ttacgttata tacattactc cactagaaa 900
 aaaaaatagt tcattatgta gagaaatgct ttttttagta catagagaaa taaaaaatc 960
 45 agatactcac tagtgaacaa aaaatgtcca aagccagcca caacagatcc taatgaacca 1020
 tacaatattg aatgccgggc gcaggagta ttttcaacat ctaaaaatcc taggagctta 1080
 agggactaga atgaaaaaaa agaacctaga ttgagtaaga aagtatttca ttttggggtg 1140
 ctttggaaca aatgacaata caccatttct tttcttgtag ttgagggttt aaactagagt 1200
 atgtgccacg tgacaacct aatcagcttg cgttgtcttt gtccaccttt ggtatgcagt 1260
 50 ctgaatcttt aaatccgaaa accttataaa ttggaccgga aaaccttaa gcagtagggt 1320
 aacttgagc tgaatcttaa tttgctaata aactgacttg gaaataggat aattcatttt 1380
 atgagctctt taaatgagtt tatttgggaa tatgcctatc attggaattg aaagcagcat 1440
 agcttgcttc agtaactcca ataatttggg aagcagaaat ggaaaaagta atttgagtca 1500
 tgtttgctta ttagtgccg tttaaaattc ccctagtaat tacctttcat attttattaa 1560
 55 ctaggttaac atcaactgtg gttgtaagag taaatgttcc accttaagat aaacatgggc 1620
 aatatattaa actctagtct gtttcttgc ctgtgaagtg aggctgcact tgattatatt 1680
 tgattctttg ttcgtaatac atgggaacga cagctaagtg tggtgaaaaa cgcggggatc 1740

```

    caaagagctg gattttttatc tcagatctgc cgctaacttt tgtatcctat aggctacttt1800
    tattttctatg gtctcaatct ataacatgaa tgggttggtg taaatgactg aagttccttc1860
    aagtgcataa attccttttc tacagtcttc attggattta tgtatttctt attcctaata1920
    tgtttaactg ggatgtctgt cactctaggg cggcaagaca gacatttaaa agtaacagtc1980
5   acactgctga actggcattt ctgttaacac aaaagtttag aaaactcacg gtaactgtta2040
    cttgatttaa gtgtatataa aattttcagt aaggctgctt ttaaaaggaa ccactgtcca2100
    tttaaagggt tcatagttat cttcaatggg ttagtattgt ttggggcagg acattaaact2160
    agaagggtt ctataggatg aggtgatacc tagaaggtaa tatattgtaa ggcaaaagag2220
    attagaagaa atggggggaa aggatagtaa aaggcaagtc agattaaagg gttgaaacat2280
10  gaagatatcc ccattgtatt ccggcccat gtttgccctt tttggctcca gcatcggtt2340
    tggaagaggc caatgtgcc tgggtcccta ataaag 2376

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 225 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:121

```

    cagttgtgaa gttttgtaa atggtcaccc aacttaaac taggaaatta cgaagaagag 60
    aaaattgccc ggtatctgtt aaggctctgcc tgtagatctg ctgtagggtt tgtcaccatt120
40  ggaagcaagg tcctacttca gtggcagatc ttgtggcctt tgagtggctg aagaccacca180
    ccctgcacag ggctggggcc atgcacaggc atccttcctt acctt 225

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1967 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

```

15 acggggcgcg cccgcgctcg caggccactc tctgctgtcg cccgtcccgc gcgctcctcc 60
   gacccgctcc gctccgctcc gctcggcccc ggcgcgcccc tcaacatgat ccgctgcggc 120
   ctggcctgcg agcgctgccg ctggatcctg cccctgctcc tactcagcgc catcgcttc 180
   gacatcatcg cgctggccgg ccgcggctgg ttgcagtcta gcgaccacgg ccagacgtcc 240
   tcgctgtggt ggaaatgctc ccaagagggc ggcggcagcg ggtcctacga ggagggctgt 300
   cagagcctca tggagtacgc gtggggtaga gcagcggctg ccatgctctt ctgtggcttc 360
20 atcatcctgg tgatctgttt catcctctcc ttcttcgccc tctgtggacc ccagatgctt 420
   gtcttctctga gagtgttgg aggtctcctt gccttggtg ctgtgttcca gatcatctcc 480
   ctggttaattt acccgtgaa gtacaccag accttcaccc ttcatgccaa ccgtgctgtc 540
   acttacatct ataactgggc ctacggcttt ggggtgggcag ccacgattat cctgatcggc 600
   tgtgccttct tcttctgctg cctccccaac tacgaagatg accttctggg caatgccaa 660
25 ccaggtact tctacacatc tgcctaactt gggaatgaat gtgggagaaa atcgctgctg 720
   ctgagatgga ctccagaaga agaaactgtt tctccaggcg actttgaacc catttttttg 780
   cagtgttcatt attattaac tagtcaaaaa tgctaaaaata atttgggaga aaatatctt 840
   taagttagtg ttagtcttca tgtttatctt ttattatgtt ttgtgaagtt gtgtcttttc 900
   actaattacc tatactatgc caatatcttcc ttatatctat ccataacatt tatactacat 960
30 ttgtaagaga atatgcacgt gaaacttaac actttataag gtaaaaatga ggtttccaag 1020
   atttaataat ctgatcaagt tcttggtatt tccaaataga atggactcgg tctgttaagg 1080
   gctaaggaga agaggaaagt aagggttaaaa gttgttaatg accaaacatt ctaaaagaaa 1140
   tgcaaaaaaa aagtttattt tcaagccttc gaactattta aggaaagcaa aatcattttcc 1200
   taaatgcata tcatttgtga gaatttctca ttaatatcct gaatcattca ttttagctaa 1260
35 ggcttcattg tgactcgata tgtcatctag gaaagtacta ttcatgggtc caaacctgtt 1320
   gccatagttg gtaaggcttt cctttaagtg tgaaatattt agatgaaatt ttctctttta 1380
   aagttcttta tagggttagg gtgtgggaaa atgctatatt aataaatctg tagtgttttg 1440
   tgtttatatg ttcagaacca gagtagactg gattgaaaga tggactgggt ctaatttatc 1500
   atgactgata gatctggtta agttgtgtag taaagcatta ggagggtcat tctgtcacal 1560
40 aaagtgccac taaaacagcc tcaggagaat aaatgacttg cttttctaaa tctcagggtt 1620
   atctgggctc tatcatatag acaggcttct gatagtttgc aactgtaagc agaaacctac 1680
   atatagttaa aatcctgggtc tttcttggtg aacagatttt aaatgtctga tataaaacat 1740
   gccacaggag aattcgggga tttgagtttc tctgaatagc atatatatga tgcacggat 1800
   aggtcattat gattttttac catttcgact tacataatga aaaccaattc atttttaata 1860
45 tcagattatt attttgaag ttgtggaaaa agctaattgt agttttcatt atgaagtttt 1920
   cccaataaac caggtattct aaacttgaag aaaaaaaaag tcgacgc 1967

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 612 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 55 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

15

cctagctgtc cccctgagat gaagaaagag ctccctgttg acagctgcct gccccgctca 60
ctcgagcttc accctcagaa gatggatccc aagagacagc acattcagct cctgagcagc120
ctgactgagt gcctgacggt ggacccccctc agtgccagcg tctggaggca gctgtaccct180
aagcacctgt cacagtccag ccttctgctg gagcacttgc tcagctcctg ggagcagatt240
20 cccaagaagg tacagaagtc ttgcaagaa accattcagc ccctcaagct taccaaccag300
gagctgctga ggaagggtag cagtaacaac caggatgtcg tcacctgtga catggcctgc360
aagggcctgt tgcagcaggt tcagggctcct cggtgcccct ggacgcggct cctcctgttg420
ctgctggtct tcgctgtagg cttcctgtgc catgacctcc ggtcacacag ctccttccag480
gcctccctta ctggccggtt gcttcgatca tctggcttct tacctgctag ccaacaagcg540
25 tgttccaagt ttactcctac agtctgcaag gttacagggt ggttggggga gaaatgccgt600
tttggggttc ca 612

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1183 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

tttcggcaca gcatgaatgg ctgcgagaag gacagctcgt ccacagattc tgctaacgaa 60
aaaccagccc ttatccctcg tgagaaaaag atctcgatac ttgaggaacc ttcaaaggca 120

```

cttcgtgggg tcacaggccc aaatattgag aaatcagtga aggatttgca acgctgcacc 180
gtttctctaa ctagatatcg cgctcatgatt aaggaagaag tggatagttc cgtgaagaag 240
atcaaagctg cctttgctga attacacaac tgcattcattg acaaagaagt ttcattaatg 300
gcagaaatgg ataaagttaa agaagaagcc atggaaatcc tgactgctcg tcagaagaaa 360
5 gcagaagaac taaagagact cactgacctt gccagtcaga tggcagagat gcagctggcc 420
gaactcaggg cagaaattaa gcactttgtc agcgagcgta aatatgacga ggagctcggg 480
aaagctgccc ggttttctg tgacatcgaa cagctgaagg cccaaatcat gctctgcgga 540
gaaattacac atccaaagaa caactattcc tcaagaactc cctgcagctc cctgctgcct 600
ctgctgaatg cgcacgcagc aacctctggg aaacagagta acttttcccg aaaatcatcc 660
10 actcacaata agccctctga aggcaaagcg gcaaacccca aaatggtgag cagtctcccc 720
agcaccgccc acccctctca ccagaccatg ccggccaaca agcagaatgg atcttctaac 780
caaagacgga gatttaatcc acagtatcat aacaacaggg taaatgggccc tgccaagtgc 840
cagggcagtg ggaatgaagc cgagccactg ggaaggggca acagccgcca cgaacacaga 900
agacagccgc acaacggctt ccggcccaaa acaaaaggcg gtgcaaaaaa tcaagaggct 960
15 tccttgggga tgaagacccc cgaggccccg gccattctg aaaagccccg gcgaaggcag 1020
gcacgctgca ggacacctcg ggagggccag gggcctttcc ggggttagtt ttcggttagg 1080
ggttttcaca gttgcatttt tttgccccca cggaggatta ggaagttttt ccacagatgg 1140
caggcatttt ttttgagttc cccggttttt gacgttttgg ttg 1183

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 891 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

```

cggaggcagc ggaagaccga gccaggcgcc tgcgcgctgg gaagagtagg ttcagagtgc 60
45 attccggaac ccggggcgcg gcgcactgcg caggcgcccg gactccgctc agtttccgg 120
gcggcgaaca ccaagtcgg ggaacttaag cattttcggg ttctaggggt gttacgaagc 180
tgcaggagcg agatggaggg ggacgcaccg ggtgttgatg gtcgagatgg tctccgggag 240
cggcgaggct ttagcgaggg agggaggcag aacttcgatg tgaggcctca gtctggggca 300
aatgggcttc ccaaacactc ctactgggtg gacctctggc ttttcattct tttcgatgtg 360
50 gtgggtgtttc tctttgtgta ttttttgcca tgacttggtc gctgatatct aaattaagaa 420
gttggttctt gagtgaattc tgaaaatggc tacaaacttc ttgaataaag aagacaggac 480
tctcaataga agaatttcac atctccaagg gaccttctt ttcattttac actttgttac 540
taatttgcag aactctatta attgggtagg atttcaccca ttcctagcta agttcttaaa 600
attaaaccct ttgggttcgtg tttaaaaact ttcaaacatc tgatggcttt acaggggctg 660
55 aatataaaag catttgtaac taaaggtctt gtgtattcat taagaaatat agtaatgtct 720
tttaatgttt taagagttga tcaggggttt actatggatt gcaagtaata gggatgatta 780
ataaggggaa ggtttttatg gaatttcaaa agtcaattta tttcaaaagc gggggaaagg 840

```

gttttgagag gagggggggcc caaggtgttc ctgggggttg ccgagggagg c

891

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 482 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

30 tctctaaata gtaccttttc agtcttgccc cagaagttcc ctcaatttca gcagcaccga 60
gcggtttata attcattcag ttttccaggc caggcagccc gctatccttg gatggccttt120
ccacgcaata gcatcatgca cttgaaccac acagcaaacc ccacctcaa tagtaatttc180
ttggacttga atctcccgcc acagcacaac acaggctctgg gagggatccc tgtagcaggg240
gaagaagagg tgaaggtttc gaccatgccca ctgtcaacct cttcccatc attacaacaa300
ggacagcagc ctacaagtct ccacactact gtggcctgac aacagaactg agaggagagg360
attagactct ggggtgcttg catgggcaac tggattttg catgattcct ttatgatttt420
gcttttaatg tatacaccca gaagagccaa tataaacgtt cctcatgcct aaaaaaaaa480
35 aa 482

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 610 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

ctcgagccgt gggcagtggc cgcgaatgcg cggagacact gaccttcagc gcctcggctc 60
cagcgccatg gcgccctcca ggaagttctt cgttggggga aactggaaga tgaacgggcg 120
10 gaagcagagt ctgggggagc tcatcggcac tctgaacgcg gccaaagggtgc cggccgacac 180
cgaggtgggt tgtgctcccc ctactgccta tatcgacttc gcccggcaga agctagatcc 240
caagattgct gtggctgcgc agaactgcta caaagtgcact aatggggctt ttactgggga 300
gatcagccct ggcatgatca aagactgcgg agccacgtgg gtggtcctgg ggcactcaga 360
gagaaggcat gtctttgggg agtcagatga gctgattggg cagaaagtgg cccatgctct 420
15 ggcagaggga ctcgagtaa tcgcctgcat tggggagaag cttagatgaa agggaagctg 480
gcatcactga gaaggttgtt ttcgagcaga cagaggggtca tcgcagataa cgtgaaggac 540
tgtggcaagg tcgtcctggc ctatgagcct ttttttgggc catttggtgc ctggcaaggc 600
cttcaaacag 610

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2072 Basenpaare

25

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

gggtcatgta ggtacaacag caaccaagaa gatcgatgac tacctgccct ctgcactcga 60
gccaggacag actgctgcca atgaccgtgg tgacaatggc cagcgccagg gtgcaggacc 120
tgatcgggct catctgctgg cagtatacaa gcgaaggacg ggagccgaag ctcaatgaca 180
atgtcagtgct ctactgcctg catattgctg aggatgatgg ggaggtggac accgatttcc 240
ccccgctgga ttccaatgag cccattcata agtttggctt cagtactttg gccctgggtt 300
50 gaaaagtact catctcctgg tctgacatcc aaagagtcac tctttgttcg aataaatgct 360
gctcatggat tctcccttat tcaggtggac aacacaaagg ttaccatgaa ggaaatctta 420
ctgaaggcag tgaagcgaag aaaaggatcc cagaaagttt caggccctca gtaccgcctg 480
gagaagcaga gcgagcccaa tgcgcggtt gacctggaca gcactttgga gagccagagc 540
gcatgggagt tctgcctggc ccgcgagaa agttcaaggc cagacggggt ttttgaggag 600
55 gattcgcaaa ttgacatagc cacagtacag gatatgctta gcagccacca ttacaagtca 660

```

5  ttcaaagtca gcatgatcca cagactgcga ttcacaaccg acgtacagct aggtatctct 720
   ggagacaaaag tagagataga ccctgtttacg aatcagaaaag ccagcactaa gttttggatt 780
   aagcagaaaac ccatctcaat cgattccgac ctgctctgtg cctgtgacct tgctgaagag 840
   aaaagcccca gtcacgcaat atttaaactc acgtatctaa gcaatcacga ctataaacac 900
10 ctctactttg aatcggacgc tgctaccgtc aatgaaattg tgctcaaggt taactacatc 960
   ctggaatcgc gagctagcac tgcccgggct gactactttg ctcaaaaaca aagaaaactg1020
   aacagacgta cgagcttcag cttccagaag gagaagaaat ccgggcagca gtgacactgg1080
   cctccagcct caatctgttc cgtagctcag agcctgcctg ccagggccaa gtgccctaga1140
   gcccacccgg tgtcctgaag tcctcggggg gaggccagcc cctggctcac tggcacaggg1200
15 cagggtgggct ctcggggaag gtgtcggggg ccccttagga gggagcgctg gggacattgc1260
   catgggacgg aagtctgctt ggcagtggct ttgataagcg atgcttgggg gtcagaccac1320
   cccctagagg agccacgtgc cgcccagcca ccttcaatgc ctgccaccct gcccgaggat1380
   gtacagagcc gtgcccacac atttccttgc aacttgatca aatttcttaa agcaaacaac1440
   aaaaatgtac atttctgttt ttctttttaa taaacagggtg tactctttat catggttgg1500
20 atgatggacc attctttggg gcggaggatt gattatgtta ctctctttaa aatctgttcc1560
   catattgaaac aggcagattg gaaaagctat gggtcgattt ctcagaagaa atgtttagg1620
   cttagtcaat agttttaact atgccatttg tttaaataag tgcatttgct tcgagggtag1680
   tgtcttacta aaagttagga acagagacct agtggtgtgt ccaaggccgt gtcactttcc1740
   ccttcagcac accccagctt ctgacctcag agcccaggag ctgctgggac agtgtgggg1800
25 gccaggagga ggggcgggtg ctggtcctca ggacgctgc actcccagcc agacatgg1860
   tttccgtttc ttaagtagca agttaggtt tcagctggca gttccacctg catgttctct1920
   gcttcgctgc cttggaaggg gccacattcc ccattcctct tctccttaca gcgcctgcct1980
   cctttttaag caggcggaaa gctgctgttt ctcacgtttc agggagaggg gtgaccagga2040
   gactgtgtcg tgcgtcggtc ctgggtggac ag                                     2072

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 30 (A) LÄNGE: 980 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129
- 50 tttatggagt tagagcaggg gaacttaaaa acaaaagtgt atttaataac ttcatgagac 60
 tgtgataacc agtttatatt tgaaatatat acagcacttt gggagactga gggttgacct120
 tgatagtcct ttgcacagtg atcttcagat cttaaaagaa aaagaaggca tagaatatat180
 tttgcttaac ttctctttta aggataactt tccatttgat cctccatttg ttcgagtgg240
 gttacctgtt ctctcaggag ggtatgtatt ggggtggagga gcattatgta tggaaacttct300
 55 cacaaaacag ggctggagca gtgcctactc aatagaatcg gtcatcatgc aaataaatgc360
 caccttagtc aaaggcaaag ccagagtgcga gtttgagca aataagaatc aatataatct420

```

agcaagagcc caacaatcct ataattccat tgtacagata catgagaaaa atggctggta480
caccctcca aaggaagatg gctaaatatg ttgactgttg tatgtttgga ctaatgttgc540
tttaaagaaa atctttccaa catgcagaca aaagctttga gtgccctat tacagcagta600
ccgaagatgt tagttaatag atattttagt ggataatctg tcatctgaca tccagtataa660
5 gttacagcct tcgcattttg ctcatcttag atatcttgga ctgagcagtg gggcctttac720
tgtatttttc ctgataaata cacatactgg ccactcctta tctctttttc ttgaaaagt780
aactttttta aggcaagcaa gtcaacatca gggctactga agttggaggg ctttaggggt840
aactttccta tattgagccc atgggggttac aagggtttgg caatatattg ttccctttta900
cagccaatac aggttttaat cggatgtttc aatattgggt ttaggggatt ttaagggccc960
10 tcttaagtca taatagccct                                     980

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 792 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

```

ctgtttggca gggcggggag cctcgcaag atggtggcgc gcgcggcgtg tggtcccggt 60
cgtctggcca agtctcagcg cagcaaccg gccggcgctc cggtggcctg gagccacac120
ccaccgggtc cctgaccccg cgccccccgc gcccggttcc cgccatgcct cgcccccgt180
40 agggaaacac gtcgggaag ggtggtcagc gccgtggagg aggtgcccg agcagtggcc240
aagctgactc gggttccagt gacgatgagg cagccagtga ggcccgagc accgccagt300
aatgccccag cttctcagc accactgcag aggacagcct tgggggggat gtcgtggat360
agcaagggcc agcaggaaga ccttgaggaa aagctgaagg agtatgtgga ctgtctcaca420
gacaagagtg ccaagaccg gcaggtgcct cttgagagcc tgcgcctggc cctagcgtcc480
45 cgctactcc cgcacttctt gctggagcgc cgctcacgc tagccgatgc cctggaaaag540
tgcctcaaga aagggaagg cgaggaacaa gccctggctg ctgctgtgct aggcctgctc600
tgcgtgcagc tgggccctgg acctaaagggt gaggagctgt ttcacagcct gcagcctctg660
ctggtctctg tgctcagtga cagcacagct agccctgctg cccggctcca cgtgagttgc720
ctgtgcccc aagaaccctt cctgcaactt atccctcagc agagtgggtg gttcccccta780
50 tcttcagcct cc                                     792

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

55

(A) LÄNGE: 1092 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

20
 gtgggtcccc cgggttcggg cgcggttgag gccttcggtg gtgaacgagt ctccagcacc 60
 atgtctggtt tgtctggccc accagcccgg cgcggccctt ttccgtagc gttgctgctt 120
 ttgttcctgc tcggccccag attggtcctt gccatctcct tccatctgcc cattaactct 180
 cgcaagtgcc tccgtgagga gattcacaag gacctgctag tgactggcgc gtacgagatc 240
 25 tccgaccagt ctggggggcgc tggcggcctg cgcagcacct caagatcaca gattctgctg 300
 gccatattct ctactccaaa gaggatgcaa ccaaggggaa atttgccttt accactgaag 360
 attatgacat gtttgaagtg tgttttgaga gcaagggaac agggcggata cctgaccaac 420
 tcgtgatcct agacatgaag catggagtgg aggcgaaaaa ttacgaagag attgcaaaag 480
 ttgagaagct caaacatta gaggtagagc tgcgacgcct agaagacctt tcagaatcta 540
 30 ttgttaatga ttttgcctac atgaagaaga gagaagagga gatgcgtgat accaacgagt 600
 caacaaacac tcgggtccta tacttcagca tcttttcaat gttctgtctc attggactag 660
 ctacctggca ggtcttctac ctgcgacgct tcttcaaggc caagaaattg attgagtaat 720
 gaatgaggca tattctcctc ccaccttgta cctcagccag cagaacatcg ctgggacgtg 780
 cctggcctaa ggcacacctc caacagcacc atcaaggcac gttggagctt tcttgccaga 840
 35 actgatctct tttggtgtgg gaggacatgg ggtaccacct acaccaaca agtcaatgag 900
 ggacttcttt ttaatttggg aggatcttga ctgggtttgc aacaataggt ctattattag 960
 agtcacctat gacaaaaaat aggggggttac ctagataatg ccaaagtcag catttgtccc1020
 ggggtcccctt gtgggagctg tgggacgatg ttttcttttc tgcccccttt ccggagcgtg1080
 gggggccaaa ta 1092

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1523 Basenpaare
 45 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

```

10      ctcatgtcta aagaaattcc tttttgtgtg aaaaagacta agagcatctt caacagtgcc 60
      atgcaagaga tggagggtta cgtggagaac atccgcagaa gtttggggtt tttaattact 120
      ctccatttag gacaccctac acacccaaca gccagtatca aatgctgctc gatcccacca 180
      accccagcgc cggcactgcc aagatagaca agcaggagaa ggtcaagctc aactttgaca 240
15      tgacggcctc ccccaagatc ctgatgagca agcctgtgct gagtgggggc acaggccgcc 300
      ggatttcctt gtcggatatg ccgcgctccc ccatgagcac aaactcttct gtgcacacgg 360
      gctccgacgt ggagcaggat gctgagaaga aggccacgtc gagccacttc agtgcgagcg 420
      aggagtccat ggacttccag ggataagagc acagcttcac cagccatcca ccaagacggg 480
      acaagcaggg agtttatccg gcagcccaaa gcccttctct cctcaactgt cagctcctat 540
20      cacgacgaaa acggacaaaa cctccaccac cggcagcatc ctgaatctta acctggatcg 600
      aagcaaagct gagatggatt tgaaggagct gagcagctcg gtccagcaac agtccacccc 660
      tgttcctctc atctctccca agcgcagatc tcgtagcagg ttccagctga atcttgacaa 720
      gaccatagag agttgcaaag cacaattagg cataaatgaa atctcggaag atgtctatac 780
      ggccgtagag cacagcgatt cggaggattc tgagaagtca gatagtagcg atagttagta 840
25      tatcagtgat gatgagcaga agtctaagaa cgagccagaa gacacagagg acaaagaagg 900
      ttgtcagatg gacaaagagc catctgctgt taaaaaaaag cccaagccta caaacccagt 960
      ggagattaaa gaggagctga aaagcacgtc accagccagc gagaaggcag accctggagc 1020
      agtcaaggac aaggccagcc ctgagcctga gaaggacttt tccgaaaagg caaaccttc 1080
      acctcacccc ataaaggata aactgaaggg aaaagatgag acggattccc caacagtcca 1140
30      ttggggcctg gactctgatt cagagagcga acttgctata gatttaggag aagaccattc 1200
      tgggcgggag ggtcgaaaaa ataagaagga acccaaagaa ccatctccca aacaggatgt 1260
      tgtaggtaaa actccaccat ccacgacggt gggcagccat tctcccccg aaacaccggt 1320
      gctcacccgc tcttccgccc aaacttccgc ggctggcgcc acagccacca ccagcacgtc 1380
      ctccacggtc accgtcacgg ccccgccccc cgccgccaca ggaagcccag tgaaaaagca 1440
35      gaggccgctt ttaccgaagg aggactgccc cggccgtgca gcgggtccgt gtggaactca 1500
      tcaagtaaaag tttcaaacgt cct                                     1523
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2241 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

5

```
cgccgcccaa ggcgcagaag ccgagctggg aaaagggagg cagaggaggc ggaggcagag 60
gcagaggcag agcccgtgct cgagaccaag cgacagaccg gcgggggtgg gcctcgcaaa 120
gccgggtcgg cgagctctcc cgacaccgga gccggggagg aaaagcagcg actcctcgct 180
cgcatccccg ggagccgcac tccagactgg cccggtagtc aggggctcag gagcagatcc 240
10 cgaggcaggc tttgtctcagc ctccgacgag ggctggccct ttggaaggcg ccttcaacag 300
ccggaccaga caggccacca tgaccgagaa ttccacgtcc gccctgctgg ccaagcccaa 360
gcggggcaag gcctccaaga agtccacaga ccaccccaag tattcagaca tgatcgtggc 420
tgccatccag gccgagaaga accgcgctgg ctccctcgcg cagtccattc agaagtatat 480
caagagccac tacaaggtgg gtgagaacgc tgactcgtag atcaagttgt ccatcaagcg 540
15 cctggtcacc accggtgtcc tcaagcagac caaaggggtg ggggcctcgg ggtccttcgg 600
gctagccaag agcgacgaac ccaagaagtc agtggccttc aagaagacca agaaggaaat 660
caagaaggta gccacgcca aagaagcatc caagcccaag aaggctgcct ccaagcccc 720
aaccaagaaa cccaaagcca ccccggtcaa gaaggccaag aagaagctgg ctgccacgcc 780
caagaaagcc aaaaaacca agactgtcaa agccaagccg gtcaaggcat ccaagcccaa 840
20 aaaggccaaa ccagtgaac ccaaagcaaa gtccagtggc aagagggccg gcaagaagaa 900
gtgacaatga agtcttttct tgccggacact cctcctgttc tcctattttc tgtaataaat 960
tttctccttt tttctctctt gatgtctacc accacctttt gcccccttct gttctgactt 1020
tataagagag aggatttgga ttcttcagaa attacagaat aattcatttt tccttaacca 1080
gttggtcgaag gacagcaaca accaatctaa tgatgagaat gtacttataat tttgttttgc 1140
25 tattaacctt cttacggggt tagggatttg cgggggggct tgtgtgtttt gttggcttgt 1200
ttgccatgaa ggtagatgtg ggtggggaga agacacaagg cagtttggtc tggctagatg 1260
agagggaacc caggaattgt gaggttagca ggaatatctt tagggtgagt gagtttctct 1320
tgagttgggc acccgttgtg agagtttcag aacctttggc cagcaggaga gaggtgtagt 1380
ggagcagcca gccggcaaag gaaggaggtg gaaaaaaacc gccaccgggc tgacttccac 1440
30 ctcccagtgg tgagcagtgg gggcccaaac ccagtttctt tctcattttt gttagtttgc 1500
cctttcggcc tccctatttt cttagggaag gggagtgagg tccaagtgc agctggatgg 1560
gagaagccat agtttctccc agtcagctag gatgtagcca ttgggggatc tttgtggctt 1620
cagcaaattc tcttggttaa ccggagtga aacttcaggg gaagggtggg gactcagcca 1680
agtgcctcag tgtgccctgt tgaaacttag gtttttccac gcaatcgatg gattgtgtcc 1740
35 taggaagact tttcttttcc tctggatttt tgttcctcct gtacaagagg tgtccttgct 1800
tggtttggtg gggctgcggc cacttaaaac ctcccgatct ctttttgagt cctttattat 1860
aagtagttgt agctgcggg gggggagggg gagtgggcgg gcagtggata gtaagactta 1920
ctgcagtcga tttgggattt gctaagtagt ttacagagc tagatctgtg tgcattgtgt 1980
tgtttgtgta tatatacata tctagggtta gtacttagtt tcacacccgg gagctgggag 2040
40 aaaaaacctg tacagttgtc tttctcttat ttttaataaa atagaaaaat cgcgcacttg 2100
cgcgctcccc cccaccccc ttttttaaac aagtgttact tgtgccggga aaattttgct 2160
gtctttgtaa ttttaaaact ttaaaataaa ttggaaaagg gaaaaactga aaaaaaaaaa 2220
aaaaaaaaaa a 2241
```

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50 (A) LÄNGE: 631 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

tgacaatggc ttctttaaaa tactcagagg acaggatcac ggtggaatcg aatcagaagt 60
ggtggctgga attccacgca ccgatcagta ctgggaaaag atctaactcg ccgtgggcct120
gtcgtgccag tcctgggggc gagatggggg tagaaatgca tgtgatgcgt taagtccacg180
15 taagatacaa gtttcagaca gggtcggaag gactggattg gccaaacatc agacctgtct240
tccaaggaga ccaagtcctg gctacatccc agcctgtggt tacagtgcag acaggccatg300
tgagccaccg ctgccagcac agagcgtcct tccccctccg tgatccatcc atctccagg360
agcaagacag agacgcagga atggaaagcg gagttcctaa caggatgaaa gttcccccat420
cagttcccc agtacctcca agcaagtagc tttccacatt tgtcacagaa atcagaggag480
20 agatggtggt gggagccctt tggagaacgc cagtctccca ggccccctgc atctatcgag540
tttgcaatgt caaacctctc tgatcttggt tcagatgatt cttaatagga gtttattttt600
cgggcagctg cgaatcaggg gggtaccagg g 631

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 980 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

50 ggggccggga ggttacttag ggccggggct ggcccaggct acggcggctg cagggctccg 60
gcaaccgctc cggcaacgcc aaccgctccg ctgcgcgcag gctgggctgc aggctctcgg120
ctgcagcgct ggggtgatct aggatccggc ttccaacatg tggcagctct gggcctccct180
ctgctgcctg ctggtgttg ccaatgcccg gagcaggccc tctttccatc cctgtcgga240
tgagctggtc aactatgtca acaaacggaa taccacgtgg caggccgggc acaacttcta300
caacgtggac atgagctact tgaagaggct atgtggtacc ttctgggtg ggcccaagcc360

```

acccagaga gttatgttta ccgaggacct gaagctgcct gcaagcttcg atgcacggga420
acaatggcca cagtgtccca ccatcaaaga gatcagagac cagggtcctt gtggctcctg480
ctgggccttc ggggctgtgg aagccatctc tgaccggatc tgcattccaca ccaatgcgca540
cgtcagcgtg gaggtgtcgg cggaggacct gctcacctgc tgtggcagca tgtgtgggga600
5 cggtgtaat ggtggctatc ctgctgaagc ttggaacttc tggacaagaa aaggcctggt660
ttctggtggc ctctatgaat cccatgtagg gtgcagaccg tactccatcc ctccctgtga720
gcaccacgtc aacggctccc ggccccatg cacgggggag ggagataccc ccaagtgtag780
caagatctgt gagcctgggt acagcccagc ctacaaacag gacaagcact acggatacaa840
ttctacagcg tctccaatag cgagaaggac atcatggccg agatctacaa aaacggcccc900
10 gtggaggagg gttctctgtg tattcggact tctgcctaga gtcagggggg acaaaagtcc960
cggaatttg gggggccgcc                                     980

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2238 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

```

cacatgttcg gggaccgagt ggggtcaatc ttctggtgct gcctctccag gtctcttcca 60
ggccgggtcat agacgtactc cctctgaggg cgaccgatgg ttagaagagg tgtctaagag 120
40 cgtcggggct cagcagcccc aggcctcagc tgctcctctg cagccagttc tccagcctcc 180
tccacccact gccatctccc agccagcatc acctttccaa gggaatgcat tcctcacctc 240
tcagcctgtg ccagtgggtg tggccccagc cctgcaacca gcctttgtcc ctgcccagtc 300
ctatcctgtg gccaatggaa tgccctatcc agcccctaatt gtgcctgtgg tgggcatcac 360
tccctcccag atggtggcca acgtatttgg cactgcaggg caccctcagg ctgcccattc 420
45 ccatcagtc cccagcctgg tcaggcagca gacattccct cactacgagg caagcagtgc 480
taccaccagt cccttcttta agcctcctgc tcagcacctc aacggttctg cagctttcaa 540
tggtgtagat gatggcaggt tggcctcagc agacaggcat acagagggtc ctacaggcac 600
ctgcccagtg gatccttttg aagcccagtg ggctgcatta gaaaataagt ccaagcagcg 660
tactaattccc tcccctacca accctttctc cagtgaacta cagaagacgt ttgaaattga 720
50 actttaagca atcattatgg ctatgtatct tgtccatacc agacaggagg cagggggtag 780
cgggtcaaagg agcaaaaacag actttgtctc ctgattagta ctcttttcac taatcccaaa 840
gggtcccaagg aacaagtcca ggcccagagt actgtgaggg gtgattttga aagacatggg 900
aaaaagcatt cctagagaaa agctgccttg caattaggct aaagaagtca aggaaatgtt 960
gctttctgta ctccctcttc ccttaccocc ttacaaatct ctggcaacag agaggcaaag1020
55 tatctgaaca agaattctata ttccaagcac atttactgaa atgtaaaaa caacaggaag1080
caaagcaatc tccctttgtt tttcaggcca ttcacctgcc tcctgtcagt agtggcctgt1140
attagagatc aagaagagtg gtttgtgctc aggtcgggga acagagaggc acgctatgct1200

```

```

gccagaattc ccaggagggc atatcagcaa ctgcccagca gagctatatt ttgggggagag1260
agtttgagctt ccattttgag taacagaata aatattatat atatcaaaag ccaaaatctt1320
tatttttatg catttagaat attttaaata gttctcagat attaagaagt tgtatgagtt1380
gtaagtaatc ttgccaaagg taaaggggct agttgtaaga aattgtacat aagattgatt1440
5 tatcattgat gcctactgaa ataaaaagag gaaaggctgg aagctgcaga caggatccct1500
agcttgtttt ctgtcagtca ttcattgtaa gtagcacatt gcaacaacaa tcatgcttat1560
gaccaataca gtcactaggt tgtagttttt tttaaataaa ggaaaagcag tattgtcctg1620
gttttaaaccc tatgatggaa ttctaattgtc attattttta tggaatcaat cgaaatatgc1680
tctatagaga atatatcttt tatatattgc tgcagtttcc ttatgttaat cctttaacac1740
10 taaggtaaca tgacataatc ataccataga agggaaacaca ggttaccata ttgggttgta1800
atatgggtct tgggtgggttt tgttttatcc tttaaatttt gttcccatga gttttgtggg1860
gatggggatt ctggttttat tagctttgtg tgtgtcctct tcccccaaac ccccttttgg1920
tgagaacatc cccttgacag ttgcagcctc ttgacctcgg ataacaataa gagagctcat1980
ctcattttta cttttgaacg ttggccttac aatcaaatgt aagttatata tattgtact2040
15 gatgaaaatt tataatctgc tttacaaaaa ataaatgttc atggtagaaa aatttgccca2100
tgaagggtcg ttctttcccc tttcctttat tagtaaataa atttattttt cgttcttttg2160
gtcttactct ccattctact gctgctgtaa atccctagtt tagtgactag aaaaataccc2220
ttaagattca tattttca 2238

```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 398 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

```

45 tgcagattgg ttggggcagc ccggggaggc tggctccgac acacgactga gtgtgcctac 60
actggtecca caggttttca gctgtggagt ttgggatctg agcttgagc ccatgtgtt120
ctggcagttc cgctcatatt ttccacttga agacatcgcc tccgttcctt ccaagctggg180
agaccagaag tacaacacag gaggttgag aggcgggtc tcacaatccg cttggctggg240
gagtcactg aggttcttgc atcctgaagc aaacctgga gagctggtgg ggacttcct300
50 gttttgcgtt cctgtgtttt ctaatgcacg ccgaggtca aagagacttt gattttggca360
gatgcccttg atgaccctga aaccaccaa gaagccaa 398

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1084 Basenpaare

55

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

20
 ggcgggtggcg gaagtgggag cgggcctgga gtcttgcca taaagcctga ggcggcgcca 60
 cggcgagatt ggcggcttg agagctcggg agagttccct ggaaccagaa cttggacctt 120
 ctgcgttctg tcctccgttt agtctcctcc tcggcgggag cctcgcgacg gcccgccccg 180
 gagccccag cgcaggcccc cgtttgaagg atgacctcta ggaagaaagt gttgctgaag 240
 25 gttatcatcc tgggagattc tggagtcggg aagacatcac tcatgaacca gtatgtgaat 300
 aagaaattca gcaatcagta caaagccaca ataggagctg actttctgac caaggaggtg 360
 atggtggatg acaggctagt cacaatgcag atatgggaca cagcaggaca ggaacgggtc 420
 cagtctctcg gtgtggcctt ctacagaggt gcagactgct gcgttctggt atttgatgtg 480
 actgccccca acacattcaa aaccctagat agctggagag atgagtttct catccaggcc 540
 30 agtccccgag atcctgaaaa cttcccattt gttgtgttg gaaacaagat tgacctcgaa 600
 aacagacaag tgccacaaa gcgggcacag gcctggtgct acagcaaaaa caacattccc 660
 tactttgaga ccagtgccaa ggaggccatc aacgtggagc aggcgttcca gacgattgca 720
 cggaatgcac ttaagcagga aacggagggtg gagctgtaca acgaatttcc tgaacctatc 780
 aaactggaca agaatgaccg ggccaaggcc tcggcagaaa gctgcagttg ctgagggggc 840
 35 agtgagagtt gagcacagag tccttcacaa accaagaaca cacgtaggcc ttcaacacaa 900
 ttccctcttc ctcttccaaa caaaacatac attgatctct cacatccagc tgccaaaaga 960
 aaaccccatc aaacacagtt acaccccaca tattctctca cacacacaca cacacggcac 1020
 acacacacac acagggttgg acgttattca gattgcggcc tttgccgtgt tgggttcgtg 1080
 gggg 1084

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1259 Basenpaare
 45 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

10

```

taaaatacag aagaagagtc cacacactgt ttcacgagaa ggagtgtatc atgatttcta 60
gtaatcgaag aacatgttta tgggaacagg gtgactcagc tctcctgggg aggatggatg 120
aggagtttagc aggaagagag ggtaccaagt gaggggaaaag cagcaggggtg ggtctggggc 180
atggacagga agcagaggct gggaaaagct acatctttta ttcattgcttt ttcacaggag 240
15 ctgaagtggg aatcagtaga tcgagaatcc acggccgggg accagtagga cttgaggagc 300
tgcttactac taagtggctg ctgcgaggga aggaccacgt ggtctcagat ttctcagagc 360
atggaagttt aaaatatctt catgagaacc tccctattcc tcagagaaac accaactgaa 420
aagagccagg aaaacccggg aattttccaa aaggctctca cgttaaactt gtcttatctc 480
aggagagagc ccgctcttgt ctcccagttc ctggtagggt ctgcctgttg gaaagtgtac 540
20 ctggatgctt ctgggctccg tttggcaata gcaatcttgg ctgatgtgca cagtctggct 600
cccagctcac cctttttttt taaaagtaag aaaatagttg ctaccgatag ggactttgcc 660
aagtccaatt atcttctagg attgaaaggt gcattttccc cataaaaaag gcgaggaaaa 720
cccattggtg ctttgtgtca cctcagtgac ttacagtccc ccttggcatt tagttggtac 780
tagagccagt catccttaac aaatcttttc acattttatt tctttcacat gtagtcatct 840
25 tcaaaaagga aagatttgga atttttagaa aggggcaact cttcttttta gcattctcat 900
cagaaagtca caaaaatcga tggaaatcatt tccactggga agattgacct tttgtattta 960
tttgtggggg aaattaataa gcattccaga tgcttgagc ttcctgcac caggagatgc 1020
tgtgttcccc gtgatgcagc tggaaaccaa gctgcagcag gagatgcaag tttcaggatg 1080
ttccccactg agctggagga atatctacag cagtgatgct tgaaattttt gtatgaatta 1140
30 ttttgtcgtc ctaccctttt cctccaaaac aaaaattaga ggattatttt aatactttgg 1200
attcttcccc cttttttgag aaataaagtt ttttatgaaa agccaaaaaa aaaaaaaaaa 1259

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1938 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

```

ccaagatggc ggcacgatgc ctgcccggct gttgggggtgg cggtgacgac aggcagcaaa 60
agaccagctg gtcccagatt cgctgctgga gtgctggatg gagcctttct ctgccctctg 120
tgacatttcc aatttttagat aatgcctcac atctctgtcc ccccgggacc ccctggagcc 180
5 cccatgatcc ctaagaagac agcttgaacc tagatctcac ccccaggatg ttgcggagcc 240
tgctggagcg gccttgacag ctggccctgc ttgtgggctc ccagctggct gtcgatgatg 300
acctgtcact ggggggcttc cgaagtctca gtgccctatt tggccgagat cagggaccga 360
catttgacta ttctcaccct cgtgatgtct acagtaacct cagtcacctg cctggggccc 420
caggggggtcc tccagctcct caaggtctgc cctactgtcc agaacgatct cctctcttag 480
10 tgggtcctgt gtcgggtgtcc tttagcccag tgccatcact ggcagagatt gtggagcgga 540
atccccgggt agaaccaggg ggccgggtacc gccctgcagg ttgtgagccc cgctcccga 600
cagccatcat tgtgcctcat cgtgcccggg agcaccacct gcgcctgtct ctctaccacc 660
tgcacccctt cttgcagcgc cagcagcttg cttatggcat ctatgtcatc caccaggctg 720
gaaatggaac atttaacagg gcaaaactgt tgaacgttgg ggtgcgagag gccctgcgtg 780
15 atgaagagtg ggactgcctg ttcttgacag atgtggacct cttgccagaa aatgaccaca 840
atctgtatgt gtgtgacccc cggggacccc gccatgttgc cgttgctatg aacaagtttg 900
gatacagcct cccgtacccc cagtacttcg gaggagtctc agcacttact cctgaccagt 960
acctgaagat gaatggcttc cccaatgaat actggggctg ggggtgtgag gatgacgaca1020
ttgctaccag ggtgcgcctg gctgggtaga agatctctcg gccccccaca tctgtaggac1080
20 actataagat ggtgaagcac cgaggagata agggcaatga ggaaaatccc cacagatttg1140
acctcctggt ccgtaccccag aattcctgga cgcaagatgg gatgaactca ctgacatacc1200
agttgtctggc tcgagagctg gggcctcttt ataccaacat cacagcagac attgggactg1260
accctcgggg tcctcgggct cttctctgggc caggttacct acctggttcc tcccagcct1320
tccgtcaaga gatgctgcaa cgccggcccc cagccaggcc tgggcctcta tctactgccal380
25 accacacagc cctccgaggt tcacactgac tcctccttc tgtctacctt aatcatgaaa1440
ccgaattcat ggggttgat tctccccacc ctcagctcct cactgttctc agagggatgt1500
gagggaaactg aactctggtg ccgtgctagg gggtaggggc ctctccctca ctgctggact1560
ggagctgggc tcctgtagac ctgaggggtc cctctctcta ggggtctctg tagggcttat1620
gactgtgaat ccttgatgtc atgattttat gtgacgattc ctaggagtcc ctgcccctag1680
30 agtaggagca gggctggacc ccaagcccct ccctcttcca tggagagaag agtgatctgg1740
cttctcctcg gacctctgtg aatatttatt ctatttatgg ttcccgggaa gttgtttggt1800
gaaggaagcc cctccctggg cattttctgc ctatgtgga atagctccct cttctggtcc1860
tggctcaggg ggctgggatt ttgatataatt ttctaataaa ggactttgtc tcgcaaaaaa1920
aaaaa aaaaaaa 1938
35

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 40 (A) LÄNGE: 1874 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141

```

5  caaaaaaacc tcttaatat ctggagtcatt cttcccttc gacagcattt tcctctgctt 60
   tgaagagccc agaaatcagt gttggccatg atgacaacta cagaaaaacc agaggcagct 120
   tctttgccaa gacctttcaa agccatttta ggctgttagg ggcagtggag gtagaatgac 180
   tccttgggta ttagagtttc aaccatgaag tctctaacia tgtattttct tcacctctgc 240
   tactcaagta gcatttactg tgtctttggt ttgtgctagg cccccgggtg tgaagcacag 300
   accccttcca ggggtttaca gtctatttga gactcctcag ttcttgccac tttttttttt 360
10 aatctccacc agtcattttt cagacctttt aactcctcaa ttccaacact gatttccctt 420
   tttgcattct ccctccttcc cttccttgta gccttttgac ttctattgga aattaggatg 480
   taaatctgct caggagacct ggaggagcag aggataatta gcattctcagg ttaagtgtga 540
   gtaatctgag aaacaatgac taattcttgc atattttgta acttccatgt gaggggtttc 600
   agcattgata tttgtgcatt ttctaaccag agatgaggtg gtatcttcac gtagaacatt 660
15 ggtattcgct tgagaaaaaa agaatagttg aacctatttc tctttcttta caagatgggt 720
   ccaggattcc tcttttctct gccataaatg attaatataa tagcttttgt gtcttacatt 780
   ggtagccagc cagccaaggc tctgtttatg cttttggggg gcataatatt ggttccattc 840
   tcacctatcc acacaacata tccgtatata tccccctctac tcttacttcc cccaaattta 900
   aagaagtatg ggaaatgaga ggcatttccc ccacccatt tctctcctca cacacagact 960
20 catattactg gtaggaactt gagaacttta tttccaagt gttcaaact ttaccaatca1020
   tattaataca atgatgctat ttgcaattcc tgctcctagg ggaggggaga taagaaacc1080
   tcactctcta caggtttggg tacaagtggc aacctgttc catggccgtg tagaagcatg1140
   gtgccctggc ttctctgagg aagctggggg tcatgacaat ggcagatgta aagttattct1200
   tgaagtcaga ttgaggctgg gagacagccg tagtagatgt tctactttgt tctgctgttc1260
25 tctagaaaga atatttggtt ttctgtata ggaatgagat taattccttt ccaggatttt1320
   tataattctg ggaagcaaaa cccatgcctc cccctagcca tttttactgt tatcctattt1380
   agatggccat gaagaggatg ctgtgaaatt cccaacaaac attgatgctg acagtcatgc1440
   agtctgggag tggggaagtg atcttttgtt cccatcctct tcttttagca gtaaaatagc1500
   tgagggaaaa gggaggaaa aggaagtatt gggaatacct gtggtggttg tgatccctag1560
30 gtcttgggag ctcttggagg tgtctgtatc agtggaattc ccatccctg tgggaaatta1620
   gtaggctcat ttactgtttt aggtctagcc tatgtggatt ttttcctaac atacctaagc1680
   aaaccagtg tcaggatggt aattcttatt ctttcgttca gttaagtttt tcccttcatt1740
   tgggcactga agggatatgt gaaacaatgt taacattttt ggtagtcttc aaccagggat1800
   tgtttctgtt taacttctta taggaaagct tgagtaaaat aaatattgtc tttttgtatg1860
35 tcaaaaaaaa aaat 1874

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

```

40  (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren
     (B) TYP: Protein
     (C) STRANG: einzel
     (D) TOPOLOGIE: linear

```

```

45  (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

```

```

     (iii) HYPOTHETISCH: ja

```

```

50  (vi) HERKUNFT:
     (A) ORGANISMUS: MENSCH

```

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 142:

```

55  RDIWTMNLQR YWGEIPISSS QTNRSSFDLL PREFRLVEVH DPPLHQPSAN KPKPPTMLDI 60
   PSEPCSLTIH TIQLIQHNRR LRNLIAATAQA QNQQQTEGVK TEESEPLPSC PGSPPLPDDL120
   LPLDCKNPNA PFQIRHSDPE SDFYRGKGEP VTELSWHSCR QLLYQSGGTN PGQRRAFDCA180
   NESVLEDPNL MLAHEYWP 198

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

- 5 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:

20 IVWMVRLHGS EGMSSIVGGF GLLAEGWCRG GSWTSTRNS RGSKSKELLL VWLDDIGISP60
QYLCRFIVHM SLQVQQTFIK CQAFCVGQRL IM 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

- 25 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

40 DPCPERSTKN RHGAQGMPSK LQGFPRSRSA GAGANHRVLR SPDVQGSRKT GRSGPEPRQG60
GTTLFTAASQ SGLGGCLDLE RPEARIASDP ESWFVD 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

- 45 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145:

EGRVQQGSFV NVQQGPQEPF IEFHQLTQA IKSTHGTSTI PRVSRITLKD KP

52

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

(A) LÄNGE: 47 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 146:

PSRTSHSGTL PIPRLKICFK KRGNMNKDPT TLLAQVLFTL NFLNLDN

47

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 147:

LSKFKKLRVN NTCASSVVGSLFIFPLFLKH IFKRGMGVNP LWLVLEGYTR YPWNGRCSMC60
ALNCLG

66

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

- (A) LÄNGE: 187 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

REGEGRPEGN GDIRGGLRSG CDLSLLAPLL PPSSSESWE CYPWKIKLGL QELSVWEESM 60
AQHSACVPFC SGSLSPPPSQ PQLSPSPSS SPEDSSDGRA GPPEPTGSSG CTGSWCSLSP120
VHFHWGMEC PCILCCRSPH LHLRGLGSPS SPQCPQSLSQ TVGWNMRLEA ERGSEHHSPC180
20 TWVASCP 187

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149

25

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149

REDWNRGKGE VAPCFVQPGS WQPWCWGLDP TTPAHLAEHL VPIEDCLPLL LHLQLPPLLG 60
TFHTLQDCVC SGSEGCSSC CHRASILILL LIVQLLSVCI RLSDQRVHQH QEGHVEQQGT120
HHGQVDDNDD LDGGGLRSSY LHSHSRQ 147

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150

- (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150

10 FFFFWREIK QFNDGFLLH TTLROEDKIF SPCTGTTKFR DKRQPKYRGC GVQIHAQPRV 60
SCSNRPSGSV TVDTGERRDC PDPSSAGEGT GSRVCMGTPC PSARSAQGTA NTSFQCTLKT120
QWAQGAQLSH QSCPQGWSWG WG 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151

15

(A) LÄNGE: 464 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151

35 RQQTVLGSCS SSILPCQLLK HQGSSKTEMT KNWLIQTKRR YFSSPKQMSM THWPRTAWLT 60
GCSVTLFLFP SQYVDVASLG LVPQLTGGTL YKYNFQMHM DRQQFLNDLR NDIEKKIGFD120
AIMRVRTSTG FRATDFFGGI LMNNTDVEM AAIDCDKAVT VEFKHDDKLS EDSGALIQCA180
VLYTTISGQR RLRIHNLGLN CSSQLADLYK SCETDALINF FAKSAFKAVL HQPLKVIREI240
LVNQTAHMLA CYRKNCASPS AASQLILPDS MKVLPVYMNC LLKNCVLLSR PEISTDERAY300
QRQLVMTMGV ADSQLFFYPQ LLPIHTLDVK STMLPAAVRC SESRLSEEGI FLLANGLHMF360
LWLGVSPPPE LIQGIFNVPS FAHINTDMTL LPEVGNPYSQ QLRMIMGIIQ QKRPYSMKLT420
40 IVKQREQPEM VFRQFLVEDK GLYGGSSYVD FLCCVHKEIC QLLN 464

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152

(A) LÄNGE: 172 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 152

5 TMLEKIPKEE QEETSAIRVG FITYNKVLHF FNVKSNLAQP QMMGVTDVGE VEVPLLDGFL 60
VNYQESQSVI HNLLDQIPDM FADSNENETV FAPVIQAGME ALKAADCPGK LFIFHSSLPT120
AEAPGKLKLR DDKKLVNTDK EKILFQPQTN VYDSLAKDCV AHRLLCDTLP LS 172

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153

10

- (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 153

GSTVFTEFVI VLELHGHCLV TIDGSHFYIG GVVHQDSTKE ISGSETCAGT NPHNSIKAYF 60
LFNIISEVVQ KLLSIQVHLE IVVFKGSSS ELRNQPQRGH VHILTRKEEE CHRAAGEPRS120
PWPMSHRHLF GAGKVSSLCL Y 141

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

- (A) LÄNGE: 504 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 154:

LDRCGLYPVS SLLQVEGSLW RAAGVFQPPP GLAHANDWRF TARVHGGALG EHDKMVAAAT 60
50 GSEILLWALQ AEGGGSEIGV FHLGVPVEAL FFVGNQLIAT SHTGRIGVWN AVTKHWQVQE120
VQPITSYDAA GSFLLLGNN GSIYYVDVQK FPLRMKNDL LVSELYRDP A EDGVTALSVY180
LTPKTSDSGN WIEIAYGTSS GGV RVIVQHP ETVGSGPQLF QTFTVHRSPV TKIMLSEKHL240
ISVCADNNHV RTWSVTRFRG MISTQPGSTP LASFKILALE SADGHGGCSA GNDIGPYGER300
DDQOVFIQKV VPSASQLFVR LSSTGQRVCS VRSVDGSPTT AFTVLECEGS RRLGSRPRRY360

LLTGOANGSL AMWDLTTAMD GLGQAPAGGL TEQELMEQLE HCELAPPAPS APSWGCLPSP420
SPRISLTSLSH SASSNTSLSG HRGSPSPQA EARRRGGSF VERCQELVRS GPDLRPPPTP480
APWPSSGLGT PLTPPKMKLN ETSF 504

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

(A) LÄNGE: 289 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 155:

25 GQPARPGAMA AAATAAEGVP SRGPPGEVIH LNVGGKRFST SRQTLTWIPD SFFSSLLSGR 60
ISTLKDETGA IFIDRDPTVF APILNFLRTK ELDPRGVHGS SLLHEAQFYG LTPLVRRQL120
REELDRSSCG NVLFNGYLPP PVFVKKRRNR HSLVGPQQLG GRPAPVRRSN TMPPNLGNAG180
LLGRMLDEKT PPSPSGQPEE PGMVRLVCGH HNWIAYAYTQ FLVCYRLKEA SGGQLVFSSP240
RLDWPMRTTG ASQPGCMVGL WVMNTRWWQQ PPAARSCYGL CRRKAVAPR 289

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

(A) LÄNGE: 161 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 156:

50 VPQDQGIPRH HGSCVVQKEV SLSFILGGVR GVPRPLEGHG AGVGRRRRSG PLRTSSWQRS 60
TKLPPPRRRA SACGGLGLPR WPDKEVLLEA EWRLVREMRG EGLGRQPHEG AEGAGGASSQ120
CSSCSISSCS VRPPAGAWPR PSMVVRSHM AKLPLAWPVS R 161

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

(A) LÄNGE: 262 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 157:

15

```
QLWGFAAGSD SRPAMGCDGG TIPKRHELVK GPKKVEKVDK DAELVAQWNY CTLSQEILRR 60
PIVACELGRL YNKDAVIEFL LDKSAEKALG KAASHIKSIK NVTELKLSDN PAWEGDKGNT120
KGDKHDDLQR ARFICPVVGL EMNGRHRFCF LRCCGCVFSE RALKEIKA EV CHTCGAAEQE180
DDVIVLNGTK EDVDVLKTRM EERRLRANWK RKQRNPRQQS LFQNMVSVKK PQGHQKLROG240
20 SLKKPALILE RRKPTWLPKA QQ 262
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

25 (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

40

```
CHRAQWHQGG CGRAEDKDGG EKAESELEKK TKKPKAAESV SKPDVSEEAP GPSKVKTGKP 60
EEASLDSREK KTNLAPKSTA MNESSSGKAG KPCCGATKRS IADSEESEAY KSLFTTHSSA120
KRSKEESAHW VTHTSYCF 138
```

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

(A) LÄNGE: 168 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

10 HVLKQTLTP WWSLFSFPIR SQPSLLHPCL QHVHILLGAI EHDDIILLEG SPTRVANFRF 60
YLFQGSRLRH TAAAPKEAEP VSAVHLQAHN GADETRPLEV IVLVTFVSF IPFPGRIRK120
LQLCHILNAF NVRCCLPKSL FCRFVQEKFN DGIFVIKSAK FTGNYWSS 168

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

15 (A) LÄNGE: 238 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

30 HQWHITAMGS QHSAAARPSS CRRKQEDDRD GLLAEREQEE AIAQFPYVEF TGRDSITCLT 60
CQGTGYIPTE QVNELVALIP HSDQRLRPQR TKQYVLLSIL LCLLASGLVV FFLFPHSVLV120
DDGIIKVVKV TFNKQDSLVI LTIMATLKIR NSNFYTVAVT SLSSQIQYMN TVVNFTGKAE180
35 MGGPFSYVYF FCTVPEILVH NIVIFMRTSV KISYIGLMTQ SSLETHHYVD CGGNSTAI 238

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

40 (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 161:

SSHEDHYVVH QDLRYRAEEV HIGKRSSH LG LPGKIHHC VH VLNL AQAGH CHRVEVGVPD60
FQGGHDGENY KGVLLIKCDF HHFDAVIIHK D 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

5

- (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 162:

MRKQEE NHQT RCQETKQDGQ EDILLSSLRA QSLITVWDQS HQLIYLLCWN VACPLARETG 60
DAISPGEFHI WELSN GFLL SFSQQTVPVI FLLSPAGGGA SSSGMLRPHG RDMPLVSCPA120
SSVGGAARTQ RAG 133

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

30

- (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

45

AAGAAGPHRR RHPLHPSLLR EHHSQAQAPE GVRPGQSTLS RIEAVQPQLP RPSGLPSLWG60
WLPWLLGTRP QRHPEIPPET QCASTAVRRS A 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

50

- (A) LÄNGE: 174 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 164:

LDNPTQRNKD QLIRAAVKFL DDTICYRVE EPETLVELQR NEWDPPIEWA EKRYGVEISS 60
STSIMGPSIP AKTREVLVSH LASYNTWALQ GIEFVAAQLK SMVLTGLID LRLTVEQAVL120
LSRLEEYQI QKWNIEWAH DYELQELRAR TAAGTLFIHL CSESTTVKHK LLKE 174

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

CLGLLHPVAD GVGVQKLHGC PDQLILVSLG WVVQSRVAQC GQVHGVVLDG ILLGIPLSTL60
CTCQGL 66

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

SWRETEIKEQ LTHELCTIIQ QNELRKAKKL EELMQQLDVE ADEETLELEV EVERLLHEQE 60
VESRRPVVRL ERPFQPAES VTLEFAKENR KCQEQA VSPK VDDQCGNSSS IPFLSPNCPN120
QEGNDISAAL AT 132

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

- 10 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

25 QILMSHSPPQ AEMASLNEPL VSLILLVLRV AISRPPQAP KSLHRLHLV VASTPPTSWP60
FGAHFAV 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

30

- (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

NGLSKRTTGL LDSTSCSCSN LSTSTSSSKV SSSASTSSCC INSNFLAFR SSFCCMIVQR60
CSVSCSFISV SRHE 74

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

15 GRGGLGCRSW RCAGSSRPYS EVFSVALLER GSSCILRIFC ISAPFSSRCH RMPQIGPVPS60
VNQTSETASL QGQSPSTDEL ERDSEMQRP 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

20 (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

35 GPLHFRIPLK LICTWTTLTK RGGFRSLIHR GDRTYLGHPM AARREGSRNA KYSQDAGGTP60
LKERHGENFR VRAR 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

40 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

AVAFQNPSQA HLYLSDPEA RRFPKSDSPR GQDLFGASDG SEKRREPKCK IFSRCRRNPS60
QGAPRRKLQS TGAMIQHNAR TCSPAHLSP 89

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

PSPAVLGDQP PSASGAVHRK LSLEVCCCQE RAQMGPVMAA TSTSCGRARL LARSAQWLTT 60
25 MLSSAAVWLG SRRLLTCGEN PSYALVAFLC LSRESPSAKP 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

(A) LÄNGE: 495 Aminosäuren

30

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

45 SRTNTPVETW KGSKGKQSYT YIIIEENTTTS FTWAFQRTTF HEASRKYTND VAKIYSINVT 60
NVMNGVASYC RPCALEASDV GSSCTSCPAG YYIDRDSGTC HSCPPNTILK AHQPYGVQAC120
VPCGPGTKNN KIHSLCYNDK TFSRNTPTRT FNYNFSALAN TVTLAGGPSF TSKGLKYFHH180
FTLSLCGNQG RKMSVCTDNV TDLRIPEGES GFSKSITAYV CQAVIIPPEV TGYKAGVSSQ240
PVSLADRLIG VTTDMTLDGI TSPAELFHLE SLGIPDVIFF YRSNDVTQSC SSGRSTTIRV300
50 RCSPQKTVPG SLLLPGTCSG GTCDGCNHFH LWESAAACPL CSVADYHAIV SSCVAGIQKT360
TYVWREPKLC SGGISLPEQR VTICKTIDFW LKVGISAGTC TAILLTVLTC YFWKKNQKLE420
YKYSKLVNNA TLKDCDLPAA DSCAIMEGED VEDDLIFTSK KSLFGKIKSF TSKRTPDGF480
SVPLKTSSGG PDMDL 495

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

- 5 (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

20 GHNEEISSSG CCRMLAPKSP QACKGAMQGE EAGEAGSASH RMSGPPEDV FSGTESNPSG 60
VLLEVNDLIF PKSDFLLVKM RSSSTSSPSM MAQLSAAGRS QSLRVAFTS LEYLYSSF 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

- 25 (A) LÄNGE: 172 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

40 RNTRGHFRAC QRKLKPCSVS TVYKFNRNAC QRGLFEKRVF SEPVLSVQEK GVLLKRKLSL 60
LEQDVIVNED GRNKLKKQGE TPNEVCMFSL AYGDIPPELI DVSDFECSLC MRLFFEPVTT120
PCGHSFCKNC LERCLDHAPY CPLCKESLKE YLADRRYCVT QLLEGINSEV SA 172

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

- 45 (A) LÄNGE: 248 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

10 QIGGTVSHSC WKELIVKYL DELSERKKIY DEETAELSHL TKNVPFVCT MAYPTVPCPL 60
HVFEPYRLM IRRSIQTGTK QFGMCVSDTQ NSFADYGCML QIRNVHFLPD GRSVVDTVGG120
KRFRVLKRG KDGICTADIE YLEDVKVENE DEIKNLRELH DLVYSQACSW FQNLDRFRS180
QILQHFGSMP ERRENQAAP NGPAWCWLL AVLPVDPYQ LSVLSMKSLK ERLTKIQHIL240
TYFSRDQF 248

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

(A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

35 HSTSYLLDTL LSFLCKEDNM VHDLNNAQDN SYRTNVRKGL LLAQKTTSR ENTRNLRHRL 60
ILLEYHHKLR KTYRLHWEFL LVFSAYFFHL HLQSHPLKE TFFSAEHLF LELTEQVLRA120
LFFQTVLSGR HFC 133

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

SAVKRGWDLN MAAVVAATAL KGRGARNARV LRGILAGATA NKASHNRTRA LQSHSSPEGK 60
EEPEPLSPLE EYIPRKRGKN PMKAVGLAWA IGFPKGILLF ILTKREVVDK RVKQMKARQN120
MRLSNTGEYE SQRFRASSQS APSPDVGSQV QT 152

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
15

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

EGRSAPQVCT PDPTSGDGAL WEEALNLWLS YSPVLDNRMF CRAFTCFTRS LSTSRLVRMK 60
RRIPQGGKMA QASPTAFMGF LPLFLGMYSS SGDRGSGSSL PSGELWLCRA RVLL 114
25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

- (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
30 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
35

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

GLATAWASCA LWWTSEARTG IWAKPEDLTV NSLGGSQRSS GLHPRPNIRG RGTLLGGSPEP 60
45 LALILARVGQ PHVLPSSLHLL HTVLVHFPLG EDEEEDTTRE ADGPGQSHSF HGVLAPLSGN120
VFQLRG 126

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

- (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

LVKCPKGEFS FHSNKDRFAH SLKQNVAMNI QPLHTYKDVR MIPPTKHTHS HTRTHTHMHT60
RACTHGHMHT HTHT 74

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

ILISFKQRQI CAFTQAECEGH EYSAPAYIQR CTHDSPHQAH TQSHTHTHTH AHTRVHTRTH60
AHTHAHVNTC THAHTCTHAH TDTL 84

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

VCPCVHVCTC VHCMCLRV R VCVHVSVCAR ACVHVCVCAC VTVCVLGGGN HAYIFVCMQG60
LNIHGHILLE 70

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- 10 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

25 TVKFLRRLKV RGTKAGEISL SPEEGEADGS QQPALFLRVI FKFANCITGG PTFCFYQEFF60
FCSKTLVMGI F 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

- 30 (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

45 YLNLQIVLQE GLLSVFIKSF SFVQRHWLWE YFERVRNAGI KRCCRLILKV LTEPV 55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

- 50 (A) LÄNGE: 37 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

KQGRLLTSIC FSLLRKANL PCFGSPHFQP SQEFHCS

37

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

SPLLWFPALS AFSGISLFII YFHDLSAKLL IFCRKKV

37

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

MPDFKIARRK QTLRIKKAGH LLNPWLHHKA LGLGFLYLIE VFSVALGAVC LSPTPKDARK 60

TSTISHVATF TSMPHKCLSE SPNSAFFQNK PNAIRQKKKK

100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

5

- (A) LÄNGE: 256 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

RSQAGPEAGQ PLPGSGKRSS CCHCSSGACS MGPLPRTVEL FYDVLSPYSW LGFEILCRYQ 60
NIWNINLQLR PSLITGIMKD SGNKPPGLLP RKGLYMANDL KLLRHHLQIP IHFPKDFLSV120
MLEKGSLSAM RFLTAVNLEH PEMLEKASRE LWMRVWSRNE DITEPQSILA AAEKAGMSAE180
25 QAQGLLEKIA TPKVKNQLKE TTEAACRYGA EGLPITVAHV DGQTHMLFGS DRMELLAHLL240
GEKWMGPIPP AVNARL 256

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

30

- (A) LÄNGE: 196 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

SLAFTAGGIG PIHFSPSRCA SSSIRSEPNN MWVWPSTWAT VMGSPKAPYL QAASVVSLSW 60
FFTFGVAIFS RSPWACSADI PAFSAAARML CGSVMSSFLD QTRIHSSRDA FSSISGCSKF120
TAVRKRMA DK LPFSSITDKK SLGKWMGIWR WCLRSFKSFA MYSPLRGSRP GGLFPLSFM180
50 PVMRLGRNCR LMFQIF 196

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

(A) LÄNGE: 116 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

15

EQRASAMRSS RAFRTVCSSW ATHGQLPAGL DDKTNIKTVC TYWEDFHSCT VTALTDQEG 60
AKDMWDKLRK ESKNLNIQGS LFEICGSGNG AAGSLLPAFP VLLVSLSAAL ATWLSF 116

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

- (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

KRESGFPTIL YECFQHHRES QRPQRTNGSS SRFPGAWSEC GWARGGSWPH AQKESQVAKA 60
AERDTRSTGN AGSRDPAAPL PLPQSSNKLP WMLRFLDSFL SLSHISFAPS WQSVRAVTVQ120
40 LWKSSQYVHT VLMFVLSSRP AGSWPCVAQL EQTVRKALED RIALARCSHG LHQIRYLHRE180
DQ 182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

HLANKTQEI K RNKKENQDFP QSYMSVFSIT ENHNVPKELM DLPLDFREHG VSVGGRAGGA 60
GPTLRRKARS LKLPRETPGA PGTPGAGTPP PRCRCRRVRI SCLGC 105

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

(A) LÄNGE: 426 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

EIYSLSRFIE VKMSKKISGG SVVEMQGDEM TRIIWELIKE KLIFPYVELD LHSYDLGIEN 60
30 RDATNDQVTK DAAEAIKKH VGVKCATITP DEKRVEEFKL KQMWKSPNGT IRNILGGTVF120
REAIICKNIP RLVSGWVKPI IIGRHAYGDQ YRATDFVVPG PGKVEITYTP SDGTQKVITYL180
VHNFEEGGGV AMGMYNQDKS IEDFAHSSFQ MALSKGWPLY LSTKNTILKK YDGRFKDIFQ240
EIYDKQYKSQ FEAQKIWEH RLIDDMVAQA MKSEGGFIWA CKNYDGDVQS DSV AQGYGSL300
GMMTSVLVCP DGKTVEAEAA HGTVTRHYRM YQKGQETSTN PIASIFAWTR GLAHR AKLDN360
35 NKELAFFANA LEEVS IETIE AGFMTKDLAA CIKGLPNVQR SDYLNTFEFM DKLGENLKIK420
LAQAKL 426

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

40

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

RLLPKHLQRR QALYCYQALL CGLTLWSRQK WKQWDWWTSP VLSGTCGSDG LQSRGQPLLL60
LSCHLDKPAR WSSCRESHTL GPQSPTARHH HSFYRPR 97

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
15

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

LILIIHPHGN TTTFFKVMYQ VCHLLGSVTW CVGYLYFSRP RNNKISCSVL IPISMTTYDD60
RFYPSTHKPG DIFADNGFSE DRATQNISYG AIW 93
25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- (A) LÄNGE: 410 Aminosäuren
30 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:

45 TDQPNIQSVK IHSPLRLNPN KGCECPPRRD GFGFIKCVDR DVRMFFHFSE ILDGNQLHIA 60
DEVEFTVVVPD MLSAQRNHAI RIKKLPGKTV SFHSHSDHRF LGTVEKEATF SNPKTTSFNK120
GKEKEAEDGI IAYDDCGVKL TIAFQAKDVE GSTSPQIGDK VEFISIDKQR PGQQVATCVR180
LLGRNSNSKR LLGYVATLKD NFGFIETANH DKEIFFHYSE FSGDVDSLEL GDMVEYSLSK240
GKGKVSARE VNKTHSVNGI TEEADPTIYS GKVIRPLRSV DPTQTEYQGM IEIVEEGDMK300
50 GEVYPFGIVG MANKGDCLOK GESVKFQLCV LGQNAQTMAY NITPLRRATV ECVKDQFGFI360
NYEVGDSKKL FFHVKEVQDG IELQAGDEVE FSVIPKSSGG LAGSGACRCF 410

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:

- (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:

LNAILNFFHM EKELLAISYF IVNEAKLIFH TFHCGPAQGC DVVSHSLCIL AQDTQLELDA 60
LPFLQAIPFV GHPNDKWD LTFHIALLHN LNHSVLVSLC WINTPQGANY FARVNGGISF120
LSNAIH 126

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:

- (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

KSHTSCNLLS RPLFVTNTKF NLISYLRRSR SFHILGLKSN SQFHPTVIIS NNAILSLLLF60
40 AFIWASGFRI GKSGFFFYRA QKTVI 85

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

ATMRLSVCLL MVSLALCCYQ AHALVCPAVA SEITVFLFLS DAAVNLQVAK LNPPPEALAA60
KLEVKHCTDQ ISFKKRLLI 79

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

SVQCFTSNLA ARASGGGLSL ATWRFTAASL KNKKTVISEA TAGQTRAWAW 50

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

QVAVEKTLET QVEHFYMSHT HIFSLFPPT FSNEKPFLKR YLIGAVLHFQ LGCKSFWRWI60
KFGNLEVYRS VT 72

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

- (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

SFSPSLTTRA MNSSASSTST CSSYTLGTRL PVGGRGPTKV TCCTSNRLTL SLD 53

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

- (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

ALVVRFLTKR FIGDYERNAG NLYTRQVQIE GETLALQVQD TPGIQVHENS LSCSEQLNRC 60
IRWADAVVIV FSITDYKSYE LISQLHQHVQ QLHLGHPAAC GSWANKSDL LHIKQVDPQL120
G 121

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

- (A) LÄNGE: 205 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

10 GPLPALAAGS TFPVLACSSA MAPKGSSKQQ SEEDLLLQDF SRNLSAKSSA LFFGNAFIVS 60
AIIPIWLYWRI WHMDLIQSAV LYSVMTLVST YLVAFAYKNV KFVLKHKVAQ KREDAVSKEV120
TRKLSEADNR KMSRKEKDER ILWKKNEVAD YEATTFSIFY NNTLFLVVVI VASFFILKNF180
NPTVNYILSI SASSGLIALL STGSK 205

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

15 (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

30 VLHQDSSPSC LLAPNRPQQL HPLALCLWVA CGIWKSSRVV RVGDTRCFYS LEPLKNPAEC 60
NSVFVYWLFF DRLLKLNELK GKLRVLGRLL KGKKCLAMCC NHKRRK 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

35 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

STYGQYVVHC GVEVLQYEEG SNNDHDQEQS VVIEDGKCCS FIISNFILLP QDSFIFLLPR 60
HLSIISFRKF SSHFFGNSIL PLLCYFVLEN KFHILVCKGY QICAY 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:

- 5 (A) LÄNGE: 549 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- 15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

20 LYPNFLVNEL ILKQKQRFEE KRFKLDHSVS STNGHRWQIF QDWLGTQDN LDLANVNLML 60
ELLVQKKQL EAESHAAQLQ ILMEFLKVAR RNKREQLEQI QKELSVLEED IKRVEEMSG120
YSPVSEDSTV PQFEAPSPSH SSIIDSTEYS QPPGFSGSSQ TKKQPWYNST LASRRKRLTA180
HFEDLEQCYF STRMSRISDD SRTASQLDEF QECLSKFTRY NSVRPLATLS YASDLYNGSS240
IVSSIEFDRD CDYFAIAGVT KIKVYEDT VIQDAVDIHY PENEMTCNSK ISCISWSSYH300
KNLLASSDYE GTVILWDGFT GORSKVYQEH EKRCWSVDFN LMDPKLLASG SDDAKVKLWS360
25 TNLDNSVASI EAKANVCCVK FSPSSRYHLA FGCADHCVHY YDLRNTKQPI MVFKGHRKAV420
SYAKFVSGEE IVSASTDSQL KLWNVGKPYC LRSFKGHINE KNFVGLASNG DYIACGSENN480
SLYLYYKGLS KTLTTFKFD T V KSVLDKDRK EDDTNEFVSA VCWRALPDGE SNVLIAANSQ540
GTIKVLELV 549

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 209:

50 GTVLSSLTGE YKPLISSTLL ISSSKTLSSF WICSSCSLLF LLATLRNSIR ICSWAACDSA60
SSCFFCTSN SNIRLTAKS RLSWSVPNQS 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

15 FPSSLLFFFF FFFFCGSIN FYCFVIYFYS KEFVSLSQKL DNTTKSSNVH GVTLMVESWL60
GIPNVPKVIK EGKEKKKKIF KTNPKPMMTL GRDIT 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211:

20 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

35 KKMVRLGLFS CLLAIYSLW IVCIPYLLSI GLCVDILFLF VQHLLPHLLV TQPLFICGEP60
IPCGLGEHVT RPGLLSPTAS 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212:

40 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

5 LKKGKWAKAI HNRCKWPRN MKRCSSSLIF KEKKEILPTR LAKIFKDSGL ADYRQTGILT60
NDGVVNW 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213:

- 10 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

25 SPEVGQALGT AGSRASRKMT SELSSLSISA SIRVSPQTDS LHMAQIQAYM VLGSWDLHKA60
FFPVVFAEVL LRAFLSLA 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

- 30 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

QAGKRALYKH TQTNTSGDGC VLEQRLIKH SVCWLSVPLL ENNELGKEQL IRKCALLTVH 60
ITTSWQLLK EKGLCRCSN LSVNSCQQPQ RLPPQHTLIT CVCLA 105

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

- (A) LÄNGE: 216 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

15 LSLTSRMEEA ELVKGRQLQAI TDKRKIQEEI SQKRLKIEED KLKHQHLKKK ALREKWLLDG 60
ISSGKEQEEM KKQNOQDQHQ IQVLEQSILR LEKEIQDLEK AELQISTKEE AILKKLKSIE120
RTTEDIIRSV KVEREERAEE SIEDIYANIP DLPKSYIPSR LRKEINEEKE DDEQNRKALY180
AMEIKVEKDL RTGESTVLSS IPLPSDDFKR SRSKSL 216

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

40 FCFEISSCSF PLLIPSRSHF SLKAFFFKCW CFSLSSSIFR RFCEISSCIF LLSVMAWSLP 60
FTSSASSILE VKDSQTGKQV QSYHKSRSLG GERSGGDRRE AGRNPLFAPV EK 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

(A) LÄNGE: 339 Aminosäuren

45 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

SSQLRRRLVP APAAPRPRPN HGVLRGRLRG DRWQWSHWAK WAMLFASGGF QVKLYDIEQQ 60
QIRNALENIR KEMKLEQAG SLKGSLSVEE QLSLISGCPN IQEAVEGAMH IQECVPEDLE120
LKKKIFAQLD SIIDRVILS SSTSCLMPK LFAGLVHVQK CIVAHPVNPP YYIPLVELVP180
10 HPETAPTTVD RTHALMKKIG QCPMRVQKEV AGFVLNRLQY AIISEAWRLV EEGIVSPSDL240
DLVMSEGLGM RYAFIGPLET MHLNAEGMLS YCDRYSEGIK HVLQTFGPIP EFSRATAEKV300
NQDMCMKVPD DPEHLAARRQ WRDECLMRLA KLKSQVQPQ 339

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

15 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

KDPQITQKGI TKIITKIFCP HINMKTITG CQILKCNQA EKEVKISRL SAQVAGNRQP 60
RERKCCCAAR PRAMIQSDGQ TTGLHHPTQA AHKTASLGSP WAATYVTEG 109

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

LNIPSALRCM VSRGPMNAYR MPNPDMTRS RSLGDTIPSS TSRQASLMIA YCRRFRTKPA60
TSFWTRMGHC PIFFIRAWVL STVVGAVSGW GTSSTSGM 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

- 5 (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

20 TMFFTCGPNE AMVVS GF CRS PPVMVAGGRV FVLPCIQQIQ RISLNTLT LN VKSEKVYTRH 60
GVPISVTGIA QVKLSEPFPH SPLPHHPLSQ TLRHLLATVF STLACREVPL LVSSFPGTPR120
HLPPPPFFP 129

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

- 25 (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

40 DGDPMASVNL FTLDIEGQCV ERDPLDLLDA GQDKDTPSSH HDWGASAE PG DHHGLIWATS 60
EKHGS GWSFR DAGGSPAGVS GRAGSRRDLG AGQGPLADQL SWELAPSRVP HPAAPRCC 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:

- 50 (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

10 WPSGGPLTSP GQCGSQPPS SPATSDRRPP TSPCSAPGFL PVARVGVGKV WWGSHEVRGK 60
AEREGRALSE MLLPFQKKKG GGGKCLGVPG KDETSRGTSL QARVEKTVAR RCLNVWERG 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:

15 (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

30 GRRTLFLATF GGYPGSLGCS LSGEANISLV SFFHPLNCKL RITQAHHSYR LGLASQSTLC60
PACHCKELL LCQPKQRKYG FSCIIFPGW FVF 93

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

35

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

NLIYPNSSMY SDTFSEKARI IGAVLSIKGK SSDHLHYNFL CLFSAGEEIH IYSTPHWTLQ60
NACIFCPSAI CSLPFCLLKE LSNIVFPKMF STGH 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:

- 5 (A) LÄNGE: 92 Aminosäur n
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

20 GHMHILDRF CTAQLEWVPV TWTGVQYTIC VQYRKPSAV ARELYSNSLS AQANQVRKTA60
IWLEDFQETA VPVGRYYLR GGRGTDIKQE GF 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

- 25 (A) LÄNGE: 458 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

40 RGKRRRRLP ALPPRLSPS AATMSASAVF ILDVKGKPLI SRNYKGDVAM SKIEHFMPLL 60
VHGEEGALA PLLSHGQVHF LVIKHSNLYL VATTSKNANA SLVYSFLYKT IEVFCEYFKE120
LEESIRDNF VIVYELLDL MDGFPQTTD SKILQEYITQ QSNKLETGKS RVPPTVTNAV180
45 SWRSEGIKYK KNEVFIDVIE SVNLLVNANG SVLLSEIVGT IKLKVFLSGM PELRLGLNDR240
VLFELTGRSK NKSVELEDVK FHQCVRLSRF DNDRTISFIP PDGDFELMSY RLSTQVKPLI300
WIESVIEKFS HSRVEIMVKA KGQFKKQSV NGVEISVPVP SDADSPRFKT SVGSAKYVPE360
RNVVIWSIKS FPGGKEYLMR AHFGLPSVEK EEVEGRPPIG VKFEIPYFTV SGIQVRYMKI420
50 IEKSGYQGPA LGFRYIHPEW AITNFRYQLG RGEEMGGF 458

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

(A) LÄNGE: 120 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

15

LVTKVGNRPL WVNVAKPQGR ALVTTFLNDL HVSDLDPRDG EVGDLKLDPD GGPALHLFLF 60
HTGEAKVGSH QVLLAPRERL NTPNHVSLR HILGAAHTGL ESGGVGIAGY RHRYLHTVGH120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228:

20

- (A) LÄNGE: 246 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

GISNLTPMGG RPSTSSFSTL GRPKWARIKY SLPPGKDIL QITTFLSGTY LALPTLVNL 60
GESASLGTGT DISTPLATDC FLNCPLALTM ISTRLENWFS MTDSIQISGL TWVLRRYDMS120
SKSPSGGMKE MVRSLSKRES RTHWWNFTSS SSTDLFLLRP VSSKSTRSLR PSRSSGIPDR180
40 NTLSLMVPTI SLRRTLPLAL TSRLTDSMTS MKTSFFLYLI PSERQDTALV TVGGTRDLPV240
SSLLLC 246

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

45 (A) LÄNGE: 275 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

10 MNTRLQVEHP VTEMITGTDL VEWQLRIAAG EKIPLSQEEI TLQGHAFEAR IYAEDPSNNF 60
MPVAGPLVHL STPRADPSTR IETGVRQGDE VSVHYDPMIA KWVWVAADRQ AALTKLRYSL120
RQYNIVGLPT NIDFLLNLSG HPEFEAGNVH TDFIPQHHKQ LLLSRKAAAK ESLCQAALGL180
ILKEKAMTDT FTLQAHDQFS PFSSSSGRRL NISYTRNMTL KDGKNNVAIA VTYNHDGSYS240
MQIEDKTFQV LGNLYSEGDC TYLKCSVNGV ASKAK 275

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230:

15

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

SEVIILENTI YLFSKEGSIE IDIPVPKYLS SVSSQETQGG PLAPMTGTIE KVFVKAGDKV 60
KAGDSLMMVI AMKMEHTIKS PKDGTVKKVF YREGAQANRH TPLVEFEEEE SDKRESE 117

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

SLRFTSNSIN RTFQVSAVSL AVKITKDLES FIFNLHAIRP IMVIRYSYG IVFTIFKSHV 60
SGIRDIQSSS TARRKWRELI MCLKSESVGH GFLEDETQG CLA 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232:

- 5 (A) LÄNGE: 234 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

20 ADKMFLPLP AAGRVVRRRL AVRRFGSRSL STADMTKGLV LGIYSKEKED DVPQFTSAGE 60
NFDKLLAGKL RETLNISGPP LKAGKTRTFY GLHQDFPSVV LVGLGKKAAG IDEQENWHEG120
KENIRAAVAA GCRQIQDLEL SSVEVDPCGD AQAAAEGAVL GLYEYDDLKQ KKKMAVSAKL180
YGGSDQEAQW KGVLFASGQE LGHANLMGDA SQLRLTPTRF CRNYLRRFSK LVVS 234

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233:

- 30 (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

45 LPILKIFSNN FGKIWLASIS IGWRLPSNWR AQVLAQKQTG LLSARPPDPH FHRALPTQPS 60
SFFALGHRIH RDQAPLPPQQ PERLHRDPPP QTRAPGLESA CTPLQQQL 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234:

- 50 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

10

CFLCLHASFP VRRFQLPFCR GOLAPRWGSP DADHKRFESS LPSEVVQICS KLSAFQLTI60
YQNSLLHL 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235:

15

(A) LÄNGE: 187 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

QVRRAALLSS AMEDSEALGF EHMGLDPRLL QAVTDLGWSR PTLIQEKAIP LALEGKDLLA 60
RARTGSGKTA AYAIPMLQLL LHRKATGPVV EQAVRGLVLV PTKELARQAQ SMIQQLATYC120
ARDVRVANVS AAEDSVSQRA VLMEKPDVVV GTPSRILSHL QQDSLKLKRD LELLVVDEAD180
35 LLFSLWL 187

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236:

40 (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

DIGHSDIPST VGSQLLNHGL CLPCQLLGRN KNKASHCLFY HRTCRLPMEQ QLQHRNSISG60
RLPGARAGPS QEVLPF 76

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237:

- 10 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

25 TGLCNISLS ACTSSLKVAD MRKALLKSGG KVTRGRLEL FFKAKGKKEG QLRPPPKAPG 60
SHEVSGCLAA SGLICEMGSL LPHLASPSAQ LSERLSLQQL RHWPLGHPEH SR 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238:

- 30 (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

45 CHARLNTDSS RLAMKLLMVL MLAALLLHCY AD SGCKLLED MVEKTINSDI SIPEYKELLQ 60
EFIDSDAAAE AMGKFKQCFL NQSHRTLKNF GLMMHTVYDS IWCNMKSN 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239:

- 50 (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

LVEETLLEFP HSLCSGITVY ELLKKLFVFR YRYVGIDGLF NHVLQEFAR ICIAVQEEGR60
QHEDHQQLHG EAAAVCVQSC VA 82

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

LLFILHQMLS YTVCII SPKF FRVLCDWLRK HCLNFPIASA AASLSMNS

48

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

QAVGEKLSSR DSDLMEDRCF PHFSFSPKKV LLLSPFKQPV SLNFCGHGTD KDPVFS

56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242:

- 5 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

20 IFVAMGQTRT PSSAELRKSP ATSLAIKLQP SHPTRASEEW PLLAGNPLQW AS 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243:

- 25 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

40 WPKMSQDFSL VQLKTGSLSV PWPQKFRLTG CLKGDRSRTF LGEKEKWGKQ RSSIRSESL60
ESFSPTA 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244:

- 45 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

GSSWAEDFKC DISVPKTSLL FAQSCRSMYF LLQYVPIYKF ISHTYNRAHV CTCRTHTHS60
LSTR 64

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245:

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 245:

SGPLLPAKNR EVAGLKTLSV TFQFLKHHCY LLKVVGLCIS FSNTSPFISL FPIHTTVHMC60
ARAHATHTH SQLV 74

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246:

ARIQTPEQHS QVTLFDYNEE MKMGGYLKIG IPSALKVSKL LTCEQHRTPL LWSSFQLRML60
QFSKSIYYS 69

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247:

(A) LÄNGE: 236 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

QLRGGVQRHD RREGEMVCVE LVASDKTNTF QGVIFQGSIR YEALKKVYDN RVSVAARMAQ 60
KMSFGFYKYS NMEFVRMKGP QGKGAEMAV SRVSTGDTAP CGTEEDSSPA SPMHERVTSF120
20 SRPPTPERNN RPAFFSPSLK RKVPRNRIAE MKKSHSANDS EEFFREDDGG ADLHNATNLR180
SRSLSGTGRS LVGSWLKLNK ADGNFLLYAH LTYVTLPLHR ILTDILEVRQ KPILMT 236

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248:

(A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:

40

DEEVALGQRQ RGVLPGGRRW SRSAQCNPQA VSVPVGHRTV PGRVLAEAEQ SRWKLPSLCT 60
LNLRHVAAAS DFNHRPGSSA EAHPPDLAAC GACAEPGPGP ALGVLPSAYL STATGVCDGT120
PVLEPQPGEA TRLPGGPPTA RTPAQTEVPL TGPAGAASAL C 161

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249:

(A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:

VCIEKEVSIC SVQLQPGPDQ GPSCARQGPR PQVGCIVQIG STVVLPEELL AVVGRVRLH 60
LSDPVPGHLP LEGWGEEGRP VVPFWGGGSA EGGHPLVHGR SWAGVLFSP T GGCVTCRHS A120
DRHLGVALAL GALHAHKLHV AVLVEAKRHL LCHAGGHAHP VVIHLRLV ADGALKDDPL180
15 ERVGFVTSHQ LHTDLSFPT VMSLNTSSKL SIMKKMLG 218

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250:

(A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
20 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:

YPQDPPGGAS RRLDDLELC PGEKTAPVWA LSAEEEEAMH FSLAFFLHGS SVFLQITCCH 60
35 EFLCMRHISS CLYAEVPFIL SIGWWTGERG PRCPTSCASA VGGDRAPRHG GGGHLPHVWG120
GRRHPGTEGS LQR 133

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251:

40

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

5 RLPSVPGCLR PPQTCGRCPP PPCLGARSPP TALAHDVHGL GPLSPVHQPI ERMKGTSAYR60
HDEICLMHKN S 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252:

10 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

25 RGLQHTDMMK YASCIKIHND MLFAKKQTNH AGKMPGKSAW QLPPQHSGPT QERFSPQDTA60
PSRPEASVMP LLAGPEGIRA PLLLTVDAAT HSMQH 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253:

30 (A) LÄNGE: 194 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

45 QKKKMSFRKV NIIILVLAVA LFLVLHNNF LSLSSLLRNE VTDSGIVGPQ PIDFVPNALR 60
HAVDGRQEEI PVVIAASEDR LGGAIAAINS IQHNTRSNI FYIVTLNNTA DHLRSWLNSD120
SLKSIRYKIV NFDPKLLEGK VKEDPDQGES MKPLTFARFY LPILGSQRQR KARLHGVDDV180
50 ICGRWDFLPF TLQQ 194

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254:

- (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

RFHGFPLVRI LLYFSFQKFR VKIDNFVSDA FQGITVEPGP EMVCCIVESN NVENHIGASV 60
VLNAVYSCNG PPKPVFRCSD DHRNLLSPI YCMSESIWDK VYRLRPYNS 109

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255:

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

NLAKVKGEMD SPWSGSSFTF PSKSLGSKLT ILYLMLFRES LLSQDRRSA VLLRVTM 57

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 256:

- (A) LÄNGE: 230 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

5

LPAATNRLKR GKGSSTGSSS GNHGGSGGGN GHKPGCEKPG NEARGSGKSG IQGFRGQGV 60
SNMREISKEG NRLLGGSGDN YRGQSSWGS GGGDAVGGVN TVNSETSPGM FNFDTFWKNF120
KSKLGFINWD AINKNQVPPP STRALLYFSR LWEDFKQNTF FLNWKAIIEG ADASSLQKRA180
GRAESELQLQ PACVSHCLWW EVLSQDPCKG GSHLLPRLP GCNLGLLAVG 230

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 257:

(A) LÄNGE: 141 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

TRTRSRPPAP EPSSTSADSG RISNRTLLSS TGKQLLRVRT RHHCRNVQAE PSQNYNYNQH 60
AYPTAYGGKY SVKTPAKGGS LTFFLGFGPA TWACLQLGEV LVRQFLATNH RRPRKKHWVR120
QGKLLPPLGP PALWQAPGPG L 141

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 258:

35

(A) LÄNGE: 165 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 258:

50

RVRTLNNCFP VEERSVLFEI LPESAEEVEEG SGAGGRDLVL VYGIPVDETQ LGFKILPESV 60
KVKHPRRRLR VHSIDSTNSV TSSTAPARPL PPIIVSRASK EAIALFAYFP HVAGNSLSSE120
ALNPRFPAPA GFIPWLFTPG FMSISSAAPT VVAGGGAGAG SLPPL 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 259:

- 5 (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 259:

20 ERSHLQPGAV GITESPILGL GSAMTTEIGW WKLTFLRKKK STPKVLYEIP DTYAQTEGDA 60
EPPRPDAGGP NSDFNTRLEK IVDKSTKGKH VKVSNSGRFK EKKKVRATLA ENPNLFDDHE120
EGRSSK 126

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 260:

- 25 (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 260:

40 YVLNTIIVGK GEEKIPHPLP RFGPCSFPLR VCDLPSAKVM AKTGTNRPNY HQSSLLQHPN 60
RVPGSSVPSA PEGKVPGSLL PVLGGELKFS VSASGSTETS PYHVASGKCA LLRIGPGSSH120
R 121

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 261:

- 50 (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 261:

TRVPLYVVRG RVEDPGISQA LQKWRHINTN LKNSHFLPAG INWPHSFSYG QRGQRGKVL60
QIWL MAGSQE VLAPSSALHF DDRPSS 86

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 262:

(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 262:

GS GSPAPRKL HDFALCSAPL CPLFPRETSR SHIFLTDFEA VCLHSDWEHW DHFHHADSGG60
NGCIPFHDPT CVY 73

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 263:

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 263:

FVAMCSKQAS LNHGLLGLTL VFLGPLNRHR SGHGKGYIHY HHCRRHDENDP SVPNQANRQ 60
LQNQSRKCGI WKSLLERGGR GELSRGRNRA VYAE LGTPSL RARGGR 106

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 264:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
15

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 264:

VLRWYSSDPS IDTGRVMERD TSITTTVGMM KMIPVFPIRM QTDSEFKISQE NVGSGSLSWK60
EGAEGS 66
25

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 265:

- (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
30 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 265:

GCACFRPPSP AGGARTSAGR SPSSADVGSR TQSRSRRAA HSRCCVAFPS SFTPRSRRRP 60
45 KRRRRRRREND PAASSLPPAH LPCSVSQSAA GARLVLRPRA CGAQAQRP 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 266:

- 50 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 266:

GAPAFALLLQ REGRGLPRGG VRLVLTAAE PKVDRGGGLH IPVVALRFLP LSLRAHGGGQ 60
SGGDGGARTT RRPVLFLLRT CPARSVSRRP APGLCSDLAL AAPRPSGRS 109

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 267:

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 267:

IEAAGCTFPL LRCVSFLFHS ALTAAAKAAA TAARERPGGQ FSSSCAPALL GQSVGGRRPA 60
CAQTSRLRRP GPAAVASVWP ENLGAPAAARA PRAEPRSGSR GGRRVSESEG WPGQVVAPRR120
35 WSPSKGSVWP TRSTARTSPS AATSPRPREM PPKRRRL 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 268:

40 (A) LÄNGE: 156 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 268:

SSAQGEETPGP GRRLRAPTE SRSEGKSMFA GVPTMRESSP KQYMLGGRV LLVLMFMTLL 60
HFDASFFSIV QNIVGTALMI LVAIGFKTKL AALTLLVVWLF AINVYFNAFW TIPVYKPMHD120
5 FLKYDFFQTM SVIGGLLLVV ALGPGGVSM D EKKKEW 156

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 269:

- 10 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 269:

25 LGACSWWWPW ALGVSPWMRR RRSNGSHRSL PAWLRPVAVK DWFGVDSTKL PAFMYPLPFP 60
SLGKGTDLVR TLFAETPENR WLSLLWSHSL ASDPSVQASL AAGSLPHAEA LE 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 270:

- 30 (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 270:

45 SQRVCKYSPG SLLPYPRILV RSSNGFRTWV LFSCDHSSAH CMKTGLSQCF NLTRAVSWST 60
PRSLVPYDS PHQMTLAKSR FLCGQGWLAD WWKVGWTKGG HVSSQHGFCT SSASVLVGVP120
VSPGPGWARA 130

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 271:

- (A) LÄNGE: 267 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 271:

15 GTSGTSHLHP RSICMIQKYN HDGEAGRLEA FSQGESVLKE PKYQEELEDR LHFYVEECDY 60
LQGFQILCDL HDGFSGVGAK AAELLQDEYS GRGIITWGLL PGPYHRGEAQ RNIYRLLNTA120
FGLVHLTAHS SLVCPLSLGG SLGLRPEPPV SFPYLHYDAT LPFHCSAILA TALDVTVPY180
RLCSSPVSMV HLADMLSFCG KKVVTAGAI PFPLAPGQSL PDSLMQFGGA TPWTPLCACG240
EPSTGTRCFAQ SVVLRGYRQS MPHKPQT 267

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 272:

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:

40 QVARVAGPGS HPRTRGRQES CEQSGARDQK LCLIDDRCS GPPHDGRDQV AGPRLLFPAL 60
NIHLVAALPP SRLPQRSHRA GHTGSGSPAS SHIPPRRNAA CPPALPGTWV PLGHFPLG 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 273:

(A) LÄNGE: 133 Aminosäuren

45 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 273:

LGKATCSRRL PTCTQWGPWG GSSKLHQGIR KGLAWSQGER DDCSCCHLF PTEAQHVSQM 60
NHGNWRGTQA IRNSDCVQGC SQDGTAVEGQ SGIIMQVREA DRWLGSQAQA PTQGQGADKR120
AVSSQVHETK SCV 133

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 274:

15 (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:

30 PQAWRRLCRC CSARPVAPGA RRLVPCRTPT RQPAGGTCHH PAAFRGRSRH IPVPHALGFG 60
ASAGRSVPLQ ALSQSPGAAD LQVFSTGAAP VIHTRLLEDP ILGATLPAGP IRCRAVGLVP120
RHCH 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 275:

35

(A) LÄNGE: 426 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:

GSSRRHGGGY AAVALLVLLL LGPGGWCLAE PPRDSLREEL VITPLPSGDV AATFQFRTRW 60
DSELQREGVS HYRLFPAKALG QLISKYSLRE LHLSFTQGFV RTRYWGPPFL QAPSGAELWV120
WFQDTVTDVD KSWKELSNVL SGIFCASLNF IDSTNTVTPT ASFKPLGLAN DTDHYFLRYA180

VLPREVVCTE NLTPWKKLLP CSSKAGLSVL LKADRLFHTS YHSQAVHIRP VCRNARCTSI240
SWELRQTLNV VFDAFITGQG KKDWSLFRMF SRTLTEPCPL ASESrvYVDI TTYNQDNETL300
EVHPPPTTTY QDVILGTRKT YAIYDLDLTA MINNSRNLNI QLKWKRPEN EAPPVPFLHA360
QRYVSGYGLQ KGELSTLLYN THPYRAFPVL LLDTPWYLR LLHPLPACPG PAATPPPGDA420
5 DSAAGQ 426

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 276:

10 (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:

25 SPSILYGSCT CHSHKAFGGP DTGGHPSCR P HQVQSCGSGS KTLSLMWINL GRSSVMSSQG 60
SSAPLSTST PPTQSLPLPP SNPWWPMTL TTTFCAMLCC RGRWSAPKTS PPGRSSCPVV120
PRQASLCC 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 277:

30 (A) LÄNGE: 481 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

AQDTGGPGRQ SGHGGDLQIP ISLFLRRLNT QHWRPGSRKV MAVVPASLSG QDVGSFAYLT 60
IKDRIPQILT KVIDTLHRHK SEFFEKHGEE GVEAEKKAIS LLSKLRNELQ TDKPFIPLVE120
KFVDTDIWNQ YLEYQQSLN ESDGKSRWFY SPWLLVECYM YRRIHEAIIQ SPPIDYFDVF180
50 KESKEQNFYQ SQESIILCT HLQQLIRTIE DLDENQLKDE FFKLLQISLW GNKCDLSLSG240
GESSSQNTNV LNSLEDLKP ILNDMEHLW SLLSNCKKTR EKASATRVYI VLDNSGFELV300
TDLILADFL SSELATEVHF YGKTIPWFVS DTTIHDFNWL IEQVKHSNHK WMSKCGADWE360
EYIKMGKWVY HNHIFWTLPH EYCAMPQVAP DLYAELQKAH LILFKGDLNY RKLTDGRKWE420
FSVPFHQALN GFHPAPLCTI RTLKAEIQVG LQPGQGEQLL ASEPSWWTTG KYGIFQYDGP480
55 L 481

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 278:

- 5 (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

20 FHISVSTNFS TKGINGLSVC NSFRNLERRE IAFFSASTPS SPCFSKNSLL CRCNVSITLV 60
KICGILSLIV RYANDPTSCP ERDAGTTAIT FRDPGRQCWV FNRRRNREIG ICKSPPCPDC120
RPGPPVSC 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 279:

- 25 (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

ELLNQVKGDH RTEIFHIFQW STSWAQRPGA VPLAQADQP EFQLLMFLWY RVVQDGSHE60
PDEMEQKTPI FCHLSTSCNS NHP 83

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 280:

- 50 (A) LÄNGE: 168 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280:

10

FYDRRDCFVA VSFLRGLSLW LHFYLWWLCY GGAEMRQKRK GDLSPAELMM LTIGDVIKQL 60
IEAHEQGKDI DLNKVTKTA AKYGLSAQPR LVDIIAAVPP QYRKVLMPLK KAKPIRTASG120
IAVVAVMCKP HRCPHISFTG NICVYCPGGP DSDFEYSTQS YTGYEQPP 168

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 281:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281:

GGTAAMISTR RGWAERPyla AVLVFtLFRS MSFPCSWASI SCLITSPIVS IISSAGLRSP60
FRFCLISAPP 70

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 282:

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:

IDVFPLLVG F NQLFNNISYS QHHQLSRAEI SFPLLPHFCA AVAEPPEIKM QPQTQTTEKA60
DSHKTIPPVV K 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 283:

5

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:

KPRQLPNMAF LPSPAWWISL LAVPPQYRKV LMPKLKAKPI RTASGIAVVA VMCKPHRCPH 60
ISFTGNICVY CPGWDLILIL SIPPSLTLY EPTSMRSYSV PDMDPFYRT RTPD 114

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 284:

- (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:

WVSPLTWASR PCDTEEGRQA MISTRGWAE RPYLAÄVLVF TLFRSMSFPC SWASISCLIT 60
SPIVSISSA GLRSPDYGGF TTRPGSNILG SRVGHYTHQT MEDSPPDQEA TAWAPELATP120
PCTDEDR 127

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 285:

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285:

PHTTNPTCFK LFLIRCPCPV RKRVIWHGI APHGGWLIAQ CKTGWNTQNG NQVPPRAYT60
YISCKTDVWT SVGFAHSHD SNPTSSSDGF RL 92

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 286:

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286:

DLSRPGGTRF VLTIQQTFFS KVFVQDNFKN NIKINNGFDF SLKIEKKGVG GGVNHWPFFF60
WRGPIGIVRP WSGGLS 76

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 287:

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 287:

RTFVLFYHRL TLQLLINTSF GDVWCKTHKH TQKSTSPLHD PSLLSGTISA ASCTLLGPPP60
IHRGFRGTQI TAGFQFFFN TFLWSVPTAL SVLLKLE 97

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 288:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
15

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

ILHLEMYGVK HTNTHKKAQA RCMTRLSFLG LFLLRPAPSW AHLRFTEVSG GPKSLLVFNF60
FLTIHFCGQF QQHCPYF 77
25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 289:

- (A) LÄNGE: 28 Aminosäuren
30 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
35
(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 289:

45 ILIDGVRAAF IPYREYNGAR LSRDFISA 28

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 290:

- (A) LÄNGE: 28 Aminosäuren
50 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290:

HQFHNYPNLL GFHLLIILKF HQQWGTEK

28

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 291:

15

(A) LÄNGE: 29 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291:

APGPQAILII NLNRWGKSCL HPIQRIQWC

29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 292:

35

(A) LÄNGE: 30 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

AEIKSLLSLA PLYSLYGMKA ALTPSIKIYY

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 293:

- 5 (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

20 AMKVLSEFLLC IRISFLFVVE SIVRGISKLN EVN

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 294:

- 25 (A) LÄNGE: 38 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

40 AINKVSSGYG PLALLGFSVS VEAAQRISLN FSQKWLLT

38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 295:

- 45 (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295:

FTSFNLLIPR TILSTTNRNE ILIHKRKLKT FIAYVGLSNK

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 296:

10

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296:

VNLLKYGQIH LAVKQLNIHC YLIKVFVSVL PGPNIKTTSV QKINVQRAVC SLFWYVHFKK60
TPLSSLANQE Y 71

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 297:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

RFYLYFILSR GTNSRHTFAR PSCRKTQSRK GKNKIAIKYM VLGAGRTRNP QGDQFLARSF60
FRVYPVE 67

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 298:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

15 KNLEFFSPST SYLLQNSSE GFIIYILSYPE GPTAGIPLPG LLAERHRAVK AKIKLQ 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 299:

20 (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

35 TPNSRGAGRV VRGSARGVGR SCASWLPVGR RCRTSETGSG ASRRSRAIGS PPPSPCPWSA 60
NSASSARPTS SSGPKPSFIA FRFGGQSLPP FISLWVQELD FFIWSIYISY ISILRDLKQE120
LLMGGQQTII SCSSLTGFAS 140

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 300:

- (A) LÄNGE: 279 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- 45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:

5 QSRSRPRREG VGTGSRAVLC ILATCGSKMS DIGDWFRSIP AITRYWFAAT VAVPLVGKLG 60
LISPAYLFLW PEAFLYRFQI WRPITATFYF PVGPGTGFLY LVNLYFLYQY STRLETGAFD120
GRPADYLEFML LFNWICIVIT GLAMDMQLLM IPLIMSVLYV WAQLNRDMIV SFWFGTRFKA180
CYLPWVILGF NYIIGGSVIN ELIGNLVGHL YFFLMFRYPM DLGGRNFLST PQFLYRWLPS240
10 RRGVSGFGV PPASMRAAD QNGGGGRHNW GQGFR LGDQ 279

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 301:

- 15 (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- 25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301:

30 IDQIKKSSSW THREIKGGSD WPPNLKAIKE GFGPEEEVGR ADEAEFADQG HGDGGGEPIA 60
RDRRDAPEPV SDVRHLRPTG SQDAQDRPTP RADPLTTRPA PRL LGV 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 302:

- 35 (A) LÄNGE: 207 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- 45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302:

50 LEPLPNRLE LKKGYLTLSG SGDKVAVEWD KD HGVLESHL AEKGRGMELS DLIVFNGKLY 60
SVDDRTGVVY QIEGSKAVPW VILSDGDGTV EKGFKAEWLA VKDERLYVGG LGKEWTTTTG120
DVVNENPEWV KVVGYKGSVD HENWVSNYNA LRAAAGIQPP GNLIHESACW SDTLQRWFFL180
PRRASQERYS EEGRR AQGRQ PAAERLP 207

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 303:

- 5 (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:

20 RWWATRAAWT TRTGCPTTTP CGLLPASSRQ VTSSMSLPAG VTRCSAGSSC RAAPARSATA 60
RKDDERKGAN LLLSASPDFG DIAVSHVGAV VPTHGFSSFK FIPNTDDQII VALKSEEDSG120
RVASYIMAFT LDGRFLLPET KIGSVKYEI EFI 153

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 304:

- 25 (A) LÄNGE: 174 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

VGTTAPTWLT AMSPKSGEAL SSRLAPLRSS SFLAVALLAG AARQEEPALQ RVTPAGRLMD 60
EVTWRLDAGS SPQGVVVGHP VLVVHAALVA HHLHPLRVLV HHITRSGRPL LAQAAHVQTL120
45 VLHCQPFGLE AFLHGAVAVG QNHFGHGFAA FDLVDDPRPV IHGVEFPIEN NQVG 174

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 305:

- 50 (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305:

KLVCLEADSK SSFSSEHLFS YHLISILKHH GCSCSKMGDV KENYLETFIS SPKWSFILCL60
S 61

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 306:

(A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306:

NTMAVAABKW VMSKRTILKH LFPVQNGALY CVCHKSTYSP LPDDYNCNVE LALTS DGRTI 60
VCYHPSVDIP YEHTKPIPRP DPVHNNNEETH DQVLKTRLEE KVEHLEEGPM IEQLSKMFFT120
35 TKHRWYPHGR YHRCRKNLNP PKDR 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 307:

40 (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

5 IHQTAFSQMA NEAHFSLIPP GTSASSVFWR IQILTTSVIP SMRIPTVLSS KEHFAKLFYH 60
RSFLKVFNFF FQSGFQHLIM CFFIIMHRIW PRDRFCVFIW NVHRRVVAYY CPAIRSQSKL120
YVAIIIVW 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 308:

10 (A) LÄNGE: 467 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 308:

25 SRSKMAALRA LCGFRGVAAQ VLRPGAGVRL PIQPSRGVRQ WQPDVEWAQQ FGGAVMYPK 60
ETAHWKPPPW NDVDPPKDTI VKNITLNFGP QHPAAHGVL R LVMELSGEMV RKCDPHIGLL120
HRGTEKLI EY KTYLQALPYF DRLDYVSMC NEQAYSLAVE KLLNIRPPPR AQWIRVLFGE180
ITRLLNHIMA VTTHALDLGA MTPFFWLFEE REKMF EYER VSGARMHAAY IRPGGVHQLDL240
PLGLMDDIYQ FSKNFSLRLD ELEELLTNNR IWRNRTIDIG VVTAEALNY GFSGVMLRGS300
30 GIQWDLRKTQ PYDVYDQVEF DVPVGSRGDC YDRYLCRV E E MRQSLRIIAQ CLNKMPPEI360
KVDDAKVSPP KRAEMKTSME SLIHHFKLYT EGYQVPPGAT YTAIEAPKGE FGVYLVSDGS420
SRPYRCKIKA PGFAHLAGLD KMSKGHMLAD VVAIIGTQDI VFGEVDR 467

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 309:

35 (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 309:

50 QPSVHEHTHT HTHTHTHTQR PISSEEQAPQ KKLIGRGDQT LLPCSPIYFS KYNILGTYDG 60
NDICQHVSLR HLVQTSQMKG TRSLDLASIR AAAAIRHQVH PKLSLGLSLNG SICGSWRNLV120
ALSIQLKVMN Q 131

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 310:

- 5 (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 310:

20 SQDTMRCWVL GPKVQGNVLH NCVLWRVHII PRWRLPVGCF FAWVHNSSPK LLCPFHIWLP 60
LPNTSAGLNR QSDSSPRPQH LGRDAPEAAQ SPQRRHLTPA 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 311:

- 25 (A) LÄNGE: 162 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 311:

40 RRLRGGEPT DRRRDPESTR PAPPPTPRAM DPKDRKKIQF SVPAPPSQLD PRQVEMIRRR 60
RPTPAMLFRL SEHSSPEEEA SPHQRASGEG HHLKSKRPNP CAYTPPSLKA VQRIAESHLQ120
SISNLNENQA SEEDELGEL RELGYPREED EEEEEDAARL KS 162

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 312:

- 45 (A) LÄNGE: 154 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 312:

10 VSLGRNLSAL PPLSLAHRHP ACISQEEVEG TSLFPRNPLY PHPVLCSSPR LLGLRLLTSR 60
RLRLVCVCLF AHLWLIPREP GHLLPDAHPC QSFLHSPSGR WDVROPTLEN PENREQGFAL120
HNSTPQILSP GHRRTGQDP KIWGKEVLRT LRYF 154

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 313:

15 (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 313:

30 AQGLGLFDLR WCPSPEALWW GEASSSGEEC SESRNSMAGV GLLRRIISTW RGSSWLGGAG 60
TENWIFLRSL GSMARGVGGG AGVRDSGSRR RSVLGSPRR R 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 314:

35

(A) LÄNGE: 162 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 314:

SDRWTCSPPL GARSMSRFPA VAGRPRRQE EGRSRDLQE ERLSAVCIAD REEKGCTSQE 60
GGTPTFPPIQ KQRKKIIQAV RDNSFLIVTG NTGSGKTTQL PKLYEAGFS QHGMIGVTQP120
RKVA AISVAQ RVAEEMKCTL GSKVG YQVRF DDCSSKETAI KY 162

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 315:

- 5 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 315:

20 QIGGRARLHS GPGLCPGFPQ SRAGRQGGRR RVSGQETSRK SGSRLFASPI EKRKDARPRR60
EELLQLFLFR NKEKRLFKL 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 316:

- 25 (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 316:

40 IGKVGVPVPPS WDVHPFSSLS AMQTAESRSS WRSLDRSPSS CRLGALPATA GNRDIDLAPS60
GGEHVHRSE 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 317:

- 45 (A) LÄNGE: 173 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 317:

10 AQESPWQLCR GARTSKRKLP KLGMEQHCNE MCPSSLFLP GAYKAQMYSD VWTNTKKKKK 60
KKKKKAFLSH RHKTQIIYCY EALFTNGQFL HFIAACERLP DGRPISLVLQ TSSQAIFYQK120
GENSCLSFLK NAFLYLSIRH YTSELYKRP G TMSLVDTFH CSVAPFLAWE ASA 173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 318:

15

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 318:

AQESPWQLCR GARTSKRKLP KLGMEQHCNE MCPSSLFLP GAYKAQMYSD VWTNTKKHFL60
KRKGMSFPLF DKKQPVMSKG AQERWVSHLE AFRTQL 96

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 319:

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 319:

TCEPFRNPQV GKDP TPSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60
RDLLLLLARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 320:

5

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 320:

IRKREQGRSS PAPWESVFAS VPFRGDDGIF DDNFIEERKQ GLEQFINKVA GHPLAQNERC60
LHMFLQDEII DKSYPISKIR HA 82

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 321:

- (A) LÄNGE: 159 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 321:

RASPCPHGGQ QRRRRRLNAE GAEGARGGGS SYSEMAETVA DTRRLITKPQ NLNDAYGPPS 60
45 NFLEIDVSNP QTVGVGRGRF TTYEIRVKTN LPIFKLKEST VRRRYSDFEW LRSELERESK120
VVVPPLPGKA FLRQFLLEEM MEYLMTILLR KENKGWSSL 159

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 322:

50

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 322:

FTSQPFKVTV SSSNSRFFQL ENRKICLDPD FVSGEAPAD PHRLRVAHID LEEVAGGSVG 60
VIQVLRRLGDQ PPGVSHGLRH FAVAAAAAAG SLRPLRVQPP PPPLLPVAVGT RARA 114

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 323:

(A) LÄNGE: 374 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 323:

35

RRAQESPLGR QSHLPRIYQA FLMSATFNE VQALKELILH NPVTLKLQES QLPAGPDQLQQ 60
FQVVCETEED KFLLLYALLK LSLIRGKSL FVNTLERSYR LRLFLEQFSI PTCVLNGELP120
LRSRCHIIISQ FNQGFYDCVI ATDAEVLGAP VKGKRRGRGP KGDKASDPEA GVARGIDFHH180
VSAVLNFDLP PTPAYIHRA GRTARANNPG IVLTFVLPTE QFHLGKIEEL LSGENRGPI240
LPYQFRMEEI EGFYRRCRDA MRSVTQAIR EARLKEIKEE LLHSEKLKTY FEDNPRDLQL300
LRHDLPLHPA VVKPHLGHPV DYLVPPALRG LVRPHKKRKK LSSSCRKAKR AKSQNPLRSF360
KHKGKKFRPT AKPS 374

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 324:

(A) LÄNGE: 224 Aminosäuren

45

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 324:

5

QVRRAALLSS AMEDSEALGF EHMGLDPRLL QAVTDLGWSR PTLIQEKAIP LALEGKDLLA 60
RARTGSGKTA AYAIPMLQLL LHRKATGPVV EQAVRGLVLV PTKELARQAQ SMIIQQLATYC120
ARDVRVANVS AAEDSVSQRA VLMEKPDVVV GTPSRILSHL QQDSLKLRDS LELLVVDEAD180
LLFSFGFEEE LKSLLEWGRV TCPGFTRLFS CQLLLTRTYK HSRS 224

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 325:

(A) LÄNGE: 115 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 325:

30

FFFFFFFFFG AAKIFILLSR GKMPAWKCG AKGPSTAGPR TVCSGCAVST RASPVHEGCK 60
PVLHNVLSR EAQQPQEGLA VGLNFFPLCL KLRSGFWDFA LLAFLQEEDS FFRFL 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 326:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 326:

50

YLQCQRSLCG AKCVTWAVET RHLLSPALMT LRKEDVIQCK FLIPKLPVHV NRTSFYSSRC60
TGSLAP 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 327:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 327:

FRSCLFMLTG LLFIRQDVLV PWHLKGNPDK GKPVEPFPGPI GSQDPSPVFH RYYHVFREGE60
LEGACRTVSD VRILQSYDQ GNWCVILQKA 90

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 328:

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 328:

SGLLKNHTPV SLIVVALQNS DITHSPAGTF QFSLTEHMOV TMKHRTWVLG SYGKWLNR60
AFIRISLKVP GNQYILTNNK KSC 83

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 329:

- (A) LÄNGE: 185 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 329:

5

ERRSKSREER EKEREREREE RERKRRREEE EREKERARDR ERRKRSRSRS RHSSRTSDRR 60
CSRSRDHKRS RSRERRRSRS RDRRRSRSHD RSEKHSRSRS RDRRRSKSRD RKSYPKRSKS120
RDREQDRKSK EKEKRGSDDK KSSVKSGSRE KQSEDNTES KESDTKNEVN GTSEDIKSEG180
DTQSN 185

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 330:

15

- (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 330:

30

YHFPSIQCLC LHS AFLDYRT SHYFFYHQIP SFLSPWIFYL VLCPDFCSCA YMTFDPGFLI 60
FFDPDFEICV FFLIDHGFCF FVDLYFCSAF FLYFVTFCGP ETCCIFCLMF GLSVYFVND120
SFFFLCHEPF LFLFLPLPFV FSFLFLPFLS PVLSSLCS CFSFLRRSSR IRLFGSSP 178

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 331:

- (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 331:

VSPS DLMSSL VPLTSFLVSL SFDSVFVSSL CFSRLPDFTL LFLSSDPLFS FSLDFLSCSL 60

SRLLLLCLYD FRSRLFDLLR SRLRDLCFLS DRSWLLLLRR SLLLLRLLSL LRDLLWSRDL120
LHLLSDVRLE CLLRERLLFL LSLSRALSFS LSSSSLRLFL SLSSLSLRS FSLSSLLLLL180
LS 182

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 332:

- (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
10 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 332:

25 GFGMQLVILR VTIFLPWCFA VPVPPAADHK GWDFVEGYFH QFFLTEKESP LLTQETQTQL60
LQQFHRNGTD LLDMMQMHAS TAAPLWGA 88

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 333:

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
30 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 333:

45 PRRSRHSLPR RHKHSSCNNS IGMGQTYLTC RCMLLLQQPH CGVPDGS DNC ISPGRCKWIK60
H 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 334:

- 50 (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 334:

STCIFLARCS CRTHQAPHSG AAVAEACICM SSRSVPFRWN CCRSCVCVSW VRSGDSFSVR60
KN 62

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 335:

(A) LÄNGE: 61 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 335:

35

VCPIPMELLQ ELCLCLLGKE WRLLLGQEKI MEIALNKVPS FMVCSRGHWN GETPGQEDSN60
S 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 336:

40

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 336:

AEDTIQKRNS QFETVTPPAP NCGDEERKQW LWFLSEGRRLR TERSNHQGHR FWKSSRGGWL60
EEQ 63

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 337:

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 337:

KGWRSDFTVG GRQRDGQHVQ TGSFFSISLL SKSRTAQWLC QGSSSYSHF SGSLKSTRYY60
RGSRS 65

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 338:

(A) LÄNGE: 249 Aminosäuren

30

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 338:

SCGDVEQKIQ FKRETASLKL LPHQPRIVEM KKGSNGYGFY LRAGSEQKGQ IIKDIDSGSP 60
AEEAGLKNND LVVAVNGESV ETLDHDSVVE MIRKGGDQTS LLVVDKETDN MYRLAHFSPF120
LYYQSQELPN GSVKEAPAPT PTSLEVSSPP DTTEEVDHKP KLCRLAKGEN GYGFHLNAIR180
GLPGSFIKEV QKGGPADLAG LEDEDVIEV NGVNVLDPEY EKVVDRIQSS GKNVTLLVCG240
KKAYDYFQA 249

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 339:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 339:

ITGVQPEHIQ YLKNYFHLWT RQLAHYHYH IHGPKGNEIR TSKEVEPFNN IDIEISMFEK60
GKVPKIV 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 340:

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 340:

RIFITTIFMA QKEMKYEHQK KLNLSLIL KFLCLKKGRY LRLS

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 341:

(A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 341:

KVQLLLMFVF HFLLGHEYSS DKYALTVVSK GGNNFSSTVC VLVVPL

46

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 342:

(A) LÄNGE: 237 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 342:

GRWRRRLRHG RGSAAVAVGPT AMAELLQEEL SVLAAIFCRP HEWEVLSRSE TDGTVFRIHT 60
KAEGFMDADI PLELVFHLVP NYPSCLPGIS INSEQLTRAQ CVTVKEKLE QAESLLSEPM120
VHELVLWQQ NLRHILSQPE TGSGSEKCTF STSTMDGDL WITLLHLDHM RAKTKYVKIV180
EKWASDLRLT GRMLFMGKII LDFTTGRQKQ PQGVLDSEN LQSRCGLKWK EMQREND 237

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 343:

(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 343:

YLILLQGDRN NLKVYLILQK TSKVDVDSSG KKCKEKMISV LFETKVQTEH KRFLAFEVKE60
YSALDELQKE FETAGLKKLF SEFVLALVK 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 344:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 344:

PLPKSNAKTT KNTAILLKDS CLPFHFTRAS TNSEKSFLSP AVSNSFCNSS NAEYSLTSNA60
RNLLCSVCTF VSNSTLIIFS LHFFPLESTS TLEVF 95

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 345:

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- 25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 345:

RAGLFPGRRV GLEAENGPCP HQHGDFVPCP VLSARMSQPE AEEAALVAHA VGHDCVCSGG60
GVLLPHHRRN NL 72

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 346:

- (A) LÄNGE: 171 Aminosäuren
- 45 (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 346:

GRACFRGGAW GLRPR TALAA TNMETLYRVP FLVLECPNLK LKKPPWLHMP SAMTVYALVV 60
VSYFLITGGI IYDVIVEPPS VGSMTDEHGH QRPVAF LAYR VNGQYIMEGL ASSFLFTMGG120
10 LGFIILDRSN APNIPKLNRF LLLFIGFVCV LLSFFMARVF MRMKLPGYLM G 171

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 347:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
15 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 347:

EAGCKSFHNI LSIYSVGQES YWPLMPMFIS HRTDTWRFN NNIINYSSGDE EVRHHHQSIH60
30 SHGRRHVQPG RLLQLQVGT F EH 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 348:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
35 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 348:

50 HKVIVVWNNI GEKAPDELWN SLGPHPIPVI FKQQTANRMR NRLQVFPELE TNAVLMVDDD 60
TLISTPD L VF AFSVWQQFPD QIVGICFLES TSFTFIQGIY SYW 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 349:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 349:

ESKNKVGAD ECVIIYHQC IGFQFRKDL E SISHPVCCLL FEDHRDRVGP

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 350:

20

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 350:

SGNCCQTEKA KTRSGVLMSV SSSTINTALV SSSGKTWSRF LILFAVCCLK ITGIGWGP60
FHNSSGAFSP ILFHTTITL 79

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 351:

- (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 351:

5 GTLRHSVHV V PPKHGHHKVL SSGVCSRLLG IQREGRNQEF QKHIHVATPA TSGILCSDKL60
HGWEVFFLAR 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 352:

10 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 352:

25 HLIPFMAKSS FRVGNTQTFC ACCSPKAWSS QSPEFWCVLP PPGYTERRQE SGVPEAYTCG60
YPSNKRHPVL R 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 353:

30 (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 353:

45 SGQCGMQLGP DQPSSEQMAV VPISTKPQRA RKNTSQPCSL SEHRMPLVAG VATCICFWNS60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 354:

50 (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 354:

15 GLPARRPQCF LRAEMANSGL QLLGFSMALL GWVGLVACTA IPQWQMSSYA GDNIITAQAM 60
YKGLWMDCVT QSTGMMSCM YDSVLALSAA LQATRALMVV SLVLGFLAMF VATMGMKCTR120
CGGDDKVKA RIAMGGGIIF IVAGLAALVA CSWYGHQIVT DFYNPLIPTN IKYEFGPAIF180
IGWAGSALVI LGGALLSCSC PGNESKAGYR APRSYPKSNS SKEYV 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 355:

20 (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 355:

QHHHGPGHVQ GAVDGLRHA E HGDDELQNV R LGARPV RGLA GHSSPNGGLP GAGLPGHVCG 60
HDGHEVHALW GRRQSEEGPY SHGWRHNFHR GRSCRLGSL L LVWPSDCHRL L 111

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 356:

(A) LÄNGE: 154 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 356:

5 CCHPHRSSSA TAGWRCRPPD PPSPAGPWRS PATAGPNWPF PPSSENTGGAG RGDPTVKQTT 60
LGGQPHKRKL EVEFSGHPRK QKGFGPGECK SCHQTTHKST PPVKRWPRGT GSRIRREGGS120
RQNWWSPKAR RFPPGALGDP LSPPASRLLT GVGP 154

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 357:

10

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 357:

NLTQVTFLFF CPPNVHASR LHFEALMNIP VLVLDVNDDF AEEVTKQEDL MREVGRTLTTP60
VFLVSLWLY LL 72

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 358:

- (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 359:

50 SPSHLSHEVF LFGYFLSKII IDIQHQHWNV HQSLKVEPIR SVNVGTEKK KCNLSQVSHT60
RQVLLREQI 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 360:

- (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 360:

KRYNQRETR KTGVKVLPTS LMRSSCLVTS SAKSSLTSNT STGMFIRASK WSL

53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 361:

20 (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 361:

SCWETKWTSC PRMLLATGRG CGSDCGRTVP APGSCWPLAP RATAPRQGRA TGRGESESAE 60
LVPHSGQGRA ADQRQDRLWS GRVDLCPSAL LALPWGRLLS GRHQRRQIHS L 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 362:

40 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 362:

5 TRNGSVFGCY RPHRFPAKGS VSLVYSRGFQ HPPCAYHLLG QGRRSVSEAC RSYVTPDSNG 60
WKRTNGQDFL LLLLKTLMVK RKDWGQPGSS GPTSKFPLQV ILCQALFKK 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 363:

- 10 (A) LÄNGE: 381 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 363:

25 GPARRPAARL ARAGGPQAAD RAGKQSGPPA PGCSWLPAEA AGATVGGLCP RRAPAGPWHQ 60
GPQRPVKDEP QDGENPNPPN WSRTVVRDVR LISAKTGYGV EELISALQRS WRYRGDVYLV120
GATNAGKSTL FNTLLESYDC TAKGSEAIDR ATISWPWPGTT LNLLKFPICN PTPYRMFKRH180
30 QRLKKDSTQA EEDLSEQEQN QLNVLKKHGY VVGRVGRFTL YSEEQKDNIP FEFDADSLAF240
DMENDPVMGT HKSTKQVELT AQDVKDAHWF YDTPGITKEN CILNLLTEKE VNIVLPTQSI300
VPTFVLKPG MVLFLGAIGR IDFLQGNQSA WFTVVASNIL PVHITSLDRA DALYQKHAGH360
TLLQIPMGKK ERMGRISSC C 381

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 364:

- (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 364:

QPSTTCTSVL VCLLSAMPLP VALQTRLAKR GILKHLEPEP EEEIIAEDYD DDPVDYEATR 60
LEGLPPSWYK VFDPSGLPY YWNADTDLVS WLSPHDPNSV VTKSAKKLRS SNADAEEKLD120
55 RSHDKSDRGH DKSDRSHEKL DRGHDKSDRG HDKSDRDRER GYDKSRNGIR DRGYDQADRE180

EG

182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 365:

5

- (A) LÄNGE: 149 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 365:

RRHERDGRCD SLPLPARVYW SVCYQLCRCP LRCRPAWPRE ASSNIWSLNQ RKRSLPRTMT 60
MILWTTRPPG WRAYHQAGTR CSTLPAGSLT TGMQTQTLYP GSPHMTPTPW LPNRPRSSEA120
VMQMLKKSWT GAMTSRTGAM TSRTAAMRN 149

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 366:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 366:

PRSRSLSDL S WPRSDLWPL SSFSWLRSDL SWPLSDLSWL RSNFSSASAL LLLSFLADLV60
TTELGSCGES QDTRSVSAFQ 80

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 367:

- (A) LÄNGE: 160 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 367:

VAQQPALIHG YRKAVLTPNH VEFSLRYDAV LRGPMSDDDS HGSVLRLSQA LGNVTVVQKG 60
ERDILSNGQQ VLVCSQEGSS RRCGGQGDLL SGSLGVLVHW ALLAGPQKTN GSSPLLVAAF120
GACSLTRQCN HQAFQKHGRS TTTSDMIAEV GAAFSKLFET 160

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 368:

(A) LÄNGE: 164 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 368:

ILNGNQFMLK LKIWQAPYAF STRVGPDPFI THTLSPVQGA CLLLVCAGSG FKELAEGGPH 60
35 LGDHSVGGGG ATVLLEGLVV ALPGERAGAK RGHQERAGPI CFLWSSKERP VYQDAQGARQ120
EVPLPSTPAA AAFLAAHKHL LAVGEDVALS FLDHRHVAQG LAES 164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 369:

40

(A) LÄNGE: 187 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 369:

5 KSGKHRTPSA HAWVRIFPSH TRSPPSKVPV YFWSARAQVS KSLKKAAPTS AIMSEVVVER 60
PCFWKAWWLH CLVREQAPNA ATRRGLDPFV FCGPARSAQC TRTPREPDRR SPCPPHLRLL120
PSWLHTSTCW PLERMSRSPF WTTVTLPRAW LSLSTDPWLS SLSIGPLSTA SYSLNSTWL180
GVSTAFR 187

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 370:

- (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:
25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 370:

LFLFTNHNDG GKPCKKHQHC HQLRICDQEC HLTVTGRRQK 40

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 371:

- (A) LÄNGE: 34 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
35 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 371:

50 QAEDKSETGL MRITGKLALA PPENELFHSL ADHP 34

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 372:

- (A) LÄNGE: 38 Aminosäuren

(B) TYP: Prot in
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 372:

15 NSSFSGGAKA SFPVIRISPV SLLSSACYRE MALLITDP

38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 373:

20 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 373:

35 RQLFGIVSIA TLTVLAYERY IRVVHARVIN FSWAWRAITY IWLYS LAWAG APLLGWNRYI 60
LDVHGLGCTV DWKSKDANDS SFVLFLFLGC LVVPLGVIAH CYGHILYFHS NASLVWKIFR120
QFK 123

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 374:

(A) LÄNGE: 121 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
45 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 374:

5

TVHSRGPCQS DQFFLGLEGH YLHLALLTGV GRSTSPGMEQ VHPGRTRTRL HCGLEIQGCQ 60
RFLLC AFLIS WLPGGAPGCH SPLLPYSIF PFECFVGVED LQTIQVIKIL KYEKKLAKMC120
F 121

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 375:

(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 375:

HPGAPPGSQE IRKAQRRNRW HPWISSPQCS LVRVRPGCTC SIPGEVLLPT PVSRARCR 58

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 376:

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 376:

AFTCDFVPLC GLLEQWTTKS AMQFIKVDLV ICHPTAYGPC KPVLEANIL

49

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 377:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 377:

FCTTLWPSGA MDNQVSYAVH KSGPGYMSSN SIWSLQACFG SQYSITYRNP LESDVFGSNI60
FSQGSNGL 68

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 378:

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 378:

HITRSTFMNC IADLVVHCSR RPQSGTKSQV KAQTAPVILV VLSLHSSPLA KTGLNMKSPA60
PRPQ 64

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 379:

(A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 379:

5 APISSNFCSE SIWGYCDQLK VSESTHVLQP FLPSILDGLI HLAAQFSSEV LNLVMETLCI 60
VCTVDPEFTA SMESKICPFT IAIFLKYSND PVVASLAQDI FKELSQIEAC QGPMQMLIP120
TLVSIMQAPA DKIPAGLCAT PLIS 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 380:

10

- (A) LÄNGE: 254 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 380:

YEIQSLPFPS FSSAKLSLLW HSPVFTQMTM PSVQNGGECL RAYVSVTLEQ VAQWHDEQGH 60
NGLWYVMQVQ SQLLDPRITSE FTAAEVGRLV STLISKAGRE LGENLDQILR AILSKMQQAE120
30 TLSVMQSLIM VFAHLVHTQL EPLLEFLCSL PGPTGKPALE FVMAEWTSRQ HLFYGYEGK180
VSSVALCKLL QHGINADDKR LQDIRVKGEE IYSMDEGIRT RSKSAKNPER WTNIPLLVKI240
LKLIINELSN VMGG 254

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 381:

35

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 381:

50

SLSGPNANEA DSHSGQHNAG PSRQDSCRAL CDTIDILTTV VRNTKPPLSQ LLICQAFPAV60
AQCTLHTDDN AISA EWRRVL AGLCVSDPGT SSPVA 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 382:

- 5 (A) LÄNGE: 263 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 382:

20 APISSNFCSE SIWGYCDQLK VSESTHVLQP FLPSILDGLI HLAAQFSSEV LNLVMTLCI 60
VCTVDPEFTA SMESKICPFT IAIFLKYSND PVVASLAQDI FKELSQIEAC QGPMQMLIP120
TLVSIMQAPA DKIPAGLCAT PIDILTTVVR NTKPPLSQLL ICQAFPAVAQ CTLHTDDNAT180
MQNGGECLRA YVSVTLEQVA QWHDEQGHNG LWYVMQVVSQ LLDPRTSEFT AAFVGRLCFH240
PHLQGRAGTR GESRPDFFVP SFS 263

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 383:

- 30 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 383:

45 TLRCGGPGAG SPLASHTTVH CGPAHHATGL LVPGSLTHRP ASTLRHSAWW HCHLCEGYTV60
PQQGKLGR 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 384:

- 50 (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 384:

HIGPQALSAI LHGGIVICVK GTLCHSRESL ADEKLGKGR L CISYYCCQDI NGCRTKPCRN60
LVCWGLHYAD QSGNQPHLHW ALTGFNLGQL LEDVLSQ 97

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 385:

(A) LÄNGE: 140 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 385:

TRSSSPQTIT FDACVVIPCG DLQSQKQLSD SEKYLCPFKI KGSPYQDPCS LTNAGKQVCH 60
SWNEVWWTTE YQGWTSSSTGG CMSLKPYIHF TKESTPHNCQ YNQCNPVQIS ILIPTSTDPK120
35 PTLSCGIWHG SRNSRGTSYW 140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 386:

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren
40 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 386:

DVPLLFRLLPC HIPQLKVGLG SVEVGMRIEI CTGLHWLYWQ LWGVLSLVK

49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 387:

5

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 387:

SECMVLRTYN HRLTRSSLDI QLSTPPHSSY GRPVFLHSLR NKGLDRGSLL S

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 388:

25

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 388:

SSSPLSFCWF LPSPAASCSS SCPSGMTSWS RSGPSISGFS WLTDRACCTC GVWPSSPAPP60
KPLPPTGLSS TPAPGLAPAA ACPSEAPINT DLMVPFP

97

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 389:

- (A) LÄNGE: 148 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 389:

10 GKGTMRSVLI GASEGQAAAG ARPGAGVEDR PVGGRGFGGA GELGQTPQVQ AALSVSQENP 60
EMEGPERDQL VIPDGQEEEQ EAAGEGRNQQ KLRGEDDYNM DENEAESETD KQAALAGNDR120
NIDVFNVEDQ KRDTINLLDQ REKRNHTL 148

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 390:

15

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 390:

GPRDRLIQPS YFQRGKWGLE VTEHLAGALA PLASHRLPSS WDYRHTVTEA GPCNSRCHL60
QLKHSSYVMS LVTKVKLSHP EKAT 84

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 391:

(A) LÄNGE: 59 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 391:

CGKKCITLFL FLSPSLPLWC LRYWGSHSWG HSEATRNAS LHLAVSARTR NPQTSSQTS 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 392:

- 5 (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 392:

20 TPRNLNFHFSK LTQFHCVENTV SLGSTKHPIT QFCFIVWTPS RLQGHGQEV CEEVCGFLVL 60
ALTARCKLEA FLVASEWPQL WDPQYLRHHR GREGDRNRNR VMHFFPH 107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 393:

- 25 (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 393:

40 VAPAVGSPVS QAPQRQGGQ EQKQSYAFLS TLKKRNYTFR GMLSPRSTSS PVFHDLPKK60
I 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 394:

- 45 (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 394:

10 CNCAPSLPDF SPLHPQCGIS LVPRGTPLDL WTSRPGQEA TRNPRPLLLK FTASVVVPDS60
SPAPGTTSTW GGAF 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 395:

15 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 395:

30 ATVHPACQIF PHYTPSVAYP WSPEAHPLIC GPPGLDKRLL PETPGPCYSN SQPVWLCLTP 60
RQPLEPHPPG EGPSEWSSDT AGRPCPYPH CQVLSAQPGS EEELEELCEQ AV 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 396:

35 (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 396:

50 DRRSHGLLLY NLPGEQFKNM NQDPFDPLII QKSTQKYAQK YVGIIH 45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 397:

- (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einz I
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 397:

ERLSHCRLV MLALISLCTP CTHAFSPVY QASVSCITLK CDH

43

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 398:

- (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 398:

WIKRILIHIF KLLSREVVQ QSMRASISLP LLGDACPHLP MYPMHSCLLS CFLSSLSEFMY60
YTKM

64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 399:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 399:

HIKIEFFGQN FWEAMHPTWA DIQPELFSRG EWYWQFMAEI HSDWLESMLY QLLNLSITL60
AYCYYYISSI YRQKGHF 77

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 400:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 400:

SSLGKTFGKQ CILHGLIFSL SCSQEESEGTG SLWLKSILIG WSLCYTSC 48

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 401:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 401:

FRNPALIEPS VGSTAEIFRA FNILKMAFLS IYRGNIIIVTV CKSDTQNV 48

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 402:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 402:

15 EQLRLNISPC RMHCFPKVLP KELYFYVLSH RTGEKCSGHC WDLIFLGMGS GLMILATGVQ60
ENGSPGSDSW 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 403:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 403:

35 MCDFIRGICQ FSHCGSFSD F ACSSSKEARS FADFTIPQTC KFLTSSKLAL ALSSTFPFKS60
NLC 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 404:

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 404:

5

MGITHECVIL LGASANSLTV VPSLTLPVHH LRRLDPSLTS PFLKPVSFSL LPNWLWLFQ60
PFHSRAIFAK E 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 405:

10

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 405:

LGDHIYNWDV NHFFSGIRAO RHNLQGHIIY YEHFTVRLFI LPSTCAEMKP KQAVGFHKSI60
YVG 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 406:

30

- (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 406:

LVEPNGLFWF HFSASRRQNK ESHSKMFIVD NMSLKVVPLC SYSTEEMIHI PIIDMVSQSE60
ESFRRLLHKYV LTCPMLGNR KIIVIDKT 88

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 407:

- (A) LÄNGE: 269 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 407:

15 LTVVYTVFYA LLFVFIYVQL WLVLRYRHKR LSYQSVFLFL CLFWASRRTV LFSFYFKDFV 60
AANSLSPFVF WLLYCFPVCL QFFTTLTMNL YFTQVIFKAK SKYSPELLKY RLPLYLASLF120
ISLVFLLVNL TCAVLVKTGN WERKVIVSVR VAINDTLEVL CAVSLSICLY KISKMSLANI180
20 YLESKGSSVC QVTAIGVTVI LLYTSRACYN LFILSFSQNK SVHSFDYDWY NVSDQADLKN240
QLGDAGYVLF GVVLFVWELL PTTLVVYFFR VRNPTKDLTN PGMVPSHGFS PQILFL 296

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 408:

25 (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 408:

40 HRRLHRVLRA ALRVHLRAAL AGAALPPQAA QLPERLPLSL PLLGLPADRP LLLLLQRLRG 60
GQFAQPLRLL AALLLPCVPA VFHPPHADELV LHAGDFQSQV KIFSRTIQIP VAPLPGLPLH120
QPCFPVGEFN LCCAGKDGKL GEEGYRLCAS GH 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 409:

45 (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 409:

10 LGFENHLREV QVHQREGEKL QAHREAVEQP EDEGAERIGR HEVFEVEGEE DGPPGGPEEA 60
EKEEDALVAE PLVAVTQHQP ELHVDEHEEQ RVEHGVDDGE 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 410:

(A) LÄNGE: 268 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 410:

30 APISSNFCSE SIWGYCDQLK VSESTHVLQP FLPSILDGLI HLAAQFSSEV LNLVMETLCI 60
VCTVDPEFTA SMESKICPFT IAIFLKYSND PVVASLAQDI FKELSQIEAC QGPMQMRLLP120
TLVSIMQAPA DKIPAGLCAT AIDILTTVVR NTKPPLSPLL ICQAFPAVAQ CTLHTDDNAT180
MQNGGECLRA YVSVTLEQVA QWHDEQGHNG LWYVMQVVSQ LLDPRTSEFT AAFVGAFFVST240
LISKAGRELG ENLDQISSCH PSVKMAGG 268

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 411:

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 411:

HIGPQALSAI LHGGIVICVK GTLCHSRESL ADEKLKGKRL CISYYCCQDI NGCRTKPCRN60

LVCWGLHYAD QSGNQPHLHW ALTGFNLGQL LEDVLSQ

97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 412:

- 5 (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 412:

20

PPAILTEGWH EEIWSRFSPS SRPALEMRVE TKAPTKAAVN SEVRGSRSWL TTCITYHSPL60
WPCSSCHWAT CSRVTDT 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 413:

25

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 413:

IGFASIPPRI SGSPSILLAF YPHPPSPKLG PVLLCARETP KFRRKSIFYR GGFILDQKNK60
KN 62

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 414:

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 414:

10 DLIYNYCYCP SDLSFSAIDV IAISSSHNV FNPALILMLR MEFLTSSLKE PQPPNTYTYT60
SRIAK 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 415:

15 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 415:

30 LDSLPFHHVF PDPHPSFWLF TRIRHLRSWG QCYYPGKPR NLGENQYFTG EDSSLTKKIK60
KIKNTKKFMF LYCIPKECLY TVIILKENTS MLDI 94

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 416:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 416:

GRRNDQLNLH IPQAGPFAGP YRLGWPLLSS GIRLPDWLVL HVSIKLKVIP WPPPGENQPH60

PASWGQWGRD FGLSEQLLEA AHD

83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 417:

- 5 (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 417:

20

RRKASIIAFK GILLTLTQGV QSAREPILIS SSKMFLEENP WNVLKDVSGV RSSMWLAKGH60
LYLFQLEFIN SCSLVSLGAE VWHIFKPVHS RIQ 93

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 418:

25

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 418:

40

TLNPHKTLISA KKRARVIFFCI QDSTANLVFC YKNLVSHFLL KRTRITGTHP QLHETPSFLN60
EHESIYVHPS THMKMLCSST GMDGIRIKPI WKLKYF 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 419:

45

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 419:

10 YSFFFLYQN NHLPLFFLER EEESGEEGKN AKCHFELLVH HTRGSPILMSA ASVHRPQVKE60
RMRSSWTS 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 420:

15 (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 420:

30 KPSIHFFFSC TKTIIFLYFS WSGKRRVEKK GRMQSVTLNF SFTTHVGVHS CQPPCTGPR60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 421:

35 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 421:

50 DAGCRFVAPA LSGSPEITPQ RQLPFVNTRQ AVLAGPTRPH SFFHLGPVHG GC 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 422:

- (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
(B) TYP: Prot in
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 422:

VLGKSSMSIT IVWKANLHPK QIEVSQVKPH RMANRCLGCR MQVRGPGPVW LP 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 423:

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 423:

YRYVFPTTHY GYNGVELQTV KFCFGLVSPD PPRQELPLPP YLPALKLCPI KLDTNLTGF 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 424:

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 424:

5

VTCLSLYVET NFTMITDLN ISSLNFTIL KCLLGKLTPE CSKGALHLLK PWGHTSSVAS60
EGQILWVVD NFVLTYVIL 79

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 425:

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 425:

HKKTSSYSGV TVCSYDSIIR LKAGEICVQF NRTQLKGRQV GWERKLLSGG IRGNQSKTKF 60
YCLQFNSIIA IMCSGKHIPV LLDRVSFPFS GTKMVEGIIN PT 102

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 426:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 426:

50 SMPFQFGTOP RRFVVEGGDS SIELEPGLSS SAACNGKEMS PTRQLRRCPG SHCLTITDVP60
VTVYATTRKP PAQSSKEMHP K 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 427:

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 427:

15 GRASALACHR YRSDWASGLY ILAALSTSSS IGSSGGRGNW QQVGNYVKES PDVIISGCHR60
NI 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 428:

20 (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 428:

35 REHQLLSGND FQGTSGVAWL VTSPSHYRQH WSSAQVPAQL KNLLPLETS LAGFQIEKAY 60
FTENQKRLSL IPVEVNKSM L STGLSTEGWN CQRNDDQMFR 100

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 429:

(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 429:

5 NSHLNVTLLI IMLIFSISYR NQSLCLKLRG LKNVYHSIFI

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 430:

- 10 (A) LÄNGE:31 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 430:

25 GGIGYKGRYL NSSNNGYNPF FHNHLGCFKA I

31

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 431:

- 30 (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 431:

45 TLIPIIRDAKN QHNYQCHIQ VGILPNTTIK GRIKLDNLIK KYKAFKNLTH HLK

53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 432:

- 50 (A) LÄNGE: 31 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 432:

IALKHPKWLW KKGLYPLFEL FRYLPLYPIP P

31

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 433:

15

(A) LÄNGE: 85 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 433:

CNIFQWGPSE HTCWTVQTIS SPEGKYFCIR GNSVLERNMF FISQIKTLSN GKLASNFFKY60
SIFFSPLVVT GFYRSSYTVC FNSGP 85

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 434:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 434:

LLIREINQVF PLIYDAIYFS GGLQSTPVGR CKPYLLQKAN TTVSEETQFW RGICSLYLKS60

KLSLMVNWLL IFLSTVFFFP L

81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 435:

- 5 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 435:

20

YKSICLLEKI WFAPSNRCAL KAPTEIYCII DEGKDLVNFS YQKLVFRTSC PTWLPGAQGF60
FSEIVLRDPQ TCSPSPGATC ASSPRRQAVR SMRLS 95

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 436:

- (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 436:

SCAFLLLLWGH SGPTWASMDP GLEQAHLHLF HLRQCGSRCQ EGLTSGPSRF LCARNERP60
ILPPRLDPEV RAGQPSRKHT V 81

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 437:

- (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
50 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 437:

10

SRWNSHPLL ISPLTSKLL SSSKSHCQLP YVVLGPPEW NLAPWGGLIP AREHSCFSRD60
TVACMGQHGP WADHVHSCFS GDTVPHGPA WTLG 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 438:

15

(A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 438:

HLEPHCLRWK RWRACSSPG SMLAHVGPLC PQRSRNAHDQ PRVHAGPCRP LCPLRSRNAL60
VPELNHPRVP GSKAPWDPEP HTEVGNGSLM S 91

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 439:

(A) LÄNGE: 456 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 439:

ITKTHKVDLG LPEKKKKKKV VKEPETRYSV LNDDYFADV SPLRATSPSK SVAHQAPEM 60

PLVKKKKKKK KGVSTLCEEH VEPETTLPAR RTEKSPSLRK QVFGHLEFLS GEKKNKKSPL120
AMSHASGVKT SPDPRQGEET TRVGKKLKKH KKEKKGAQDP TAFSVQDPWF CEAREARDVG180
DTC SVGKKDE EQAALGQKRK RKSPREHNGK VKKKKKIHQE GDALPGH SKP SRSMESSPRK240
GSKKKPVKVE APEYIPISDD PKASAKKKMK SKKKVEQPVI EEPALKRKKK KERESGVAGD300
5 PWKEETDTDL EVVLEKKGNM DEAHIDQVRR KALQEEIDRE SGKTEASETR KWTGTQFGQW360
DTAGFENEDQ KLKFLRLMGG FKNLSPSFSR PASTIARPNM ALGKKAADSL QQNLQRDYDR420
AMSWKYSRGA GLGFSTAPNK IFYIDRNASK SVKLED 456

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 440:

(A) LÄNGE: 125 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 440:

VRVCFLPRV SCYPTLSLLL FLPFQSWLLD DWLLYLLFGL HLFLCGGLRV ITYGDVFRSL 60
NFDWLLFTSF PRAALHGPGG LGVAWEGISL LVDFFFLLHL PIVFSGALPL PFLPQGCLFL120
30 ILLPH 125

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 441:

(A) LÄNGE: 381 Aminosäuren

35 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 441:

50 SRCRFCCRLS AAFLPRAMLG LAIVLAGRLN EGDRFLKPPI SLRNFSFWSS FSKPAVSHWP 60
NWVPVHFLVS EASVLPDSRS ISSCKAFRLT WSMCASSMLP FFSNTTSKSV SVSSFQGS PA120
TPLSLSF FFF LFRAGSSMTG CSTFFLDFIF FFAEALGSSL MGYSGASTL TGFFLLPFLG180
LLSMDLEGL WPGRASPSWW IFFFFFTFPL CSLGLFRFRF CPKAACSSSF FPTEQVSPTS240
LASLASQNQG SWTEKAVGSW APFFSFLCFL SFLPTLVSSS PCLGSGEVFT PEAWDMARGD300
55 FLFFFSPLRN SKWPNTCFLR LGDFSRLAG SVVSGSTCSS QRVLT PFFFF FFFFTRGISG360

ACPWATLLEG DVALKGETSA K

381

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 442:

- 5 (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 442:

20 DHHNKLSLQS QTYIILLSVN GEKISPYVLW VKCCNRLGLS NLP

43

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 443:

- 25 (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 443:

40 MVISIFPPLL YKLIFTHLLL YKLTFINTNK RLVLSQFICH EPRNN

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 444:

- 45 (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 444:

GKPKNCCDFF QGKLDNPPLL QHFTHKTYGL IFSP LTDSSI

40

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 445:

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 445:

GVGGGALRSA ALPWRTLP LT STCSRCTKPS TAEMEHLVQS WCLLNILMLQ THDFKWPLQR60
RSVNKSWNPL MMKCLQLI

78

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 446:

(A) LÄNGE: 125 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 446:

RLRRRGWRSP FGGAPMAHIT INQYLQQVYE AIDSRDGASC AELVSFKHPH VANPRLQMAS 60
PEEKCCQQVLE PPYDEMFAAH LRCTYAVGNH DFIEAYKCQT VIVQSFLRAF QAHKEENWAL120
LSCMQ

125

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 447:

- 5 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 447:

20 MSCKHFIIRG FQDLLTLLW RGHLKSWVCN MRMFKRHQLC TRCSISAVDG FVHLLQVLVN60
GNVRHGSAAE RRAPPPTPQA 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 448:

- 25 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 448:

40 RSRGFSCVQT PCHFREVTA CVISLWQQVG GLPQGRRWPE MCFRSLTHHS LHTRREHHSW60
SILRMEI 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 449:

- 45 (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 449:

PITPYTHDVN TTPGAFSEWR FEFHVAASHT QTCHHSPHTH SRHSTAMSQK KFLVSDLKVL60

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 450:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 450:

RATSGRSGFI KPSNLKQGTS FGSWLLNVVS GCVGNDGRFV CEKLPHGIQI SILRMLQEW60
SRRVCRE 67

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 451:

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 451:

SASHPESRLC RGGADMQAPR GTLVFALVIA LVPVGREPSS QGSQSALQTY ELGSENVKVP 60
IFEEDTPSVM EIEMEELDKW MNSMNRNADF ECLPTLKEEK ESNHNPSDSE S 111

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 452:

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 452:

EEWALEETAK GSCVYVDLKL IKFVSSSSSV GSLSRLPQGL LLENMSAIQ V

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 453:

20

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 453:

FDSFSSFKVG KHSKSAFLEM LFIHLSSSSI SISITEGVSS SKIGTFTFSL PSSYVCKAL 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 454:

40

- (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

$$\vdots$$

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 454:

5 PITTCSLGDP GKDKYTCTHR GRERCVRQIC INILFSPHDM RSQCCMMKRW YDSTYVPIVL 60
 LFLYFLFRSF TIGRFQKHSF HHHLEMVCLN GDNSRSCSIS SRHGLLI 107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 455:

10 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) **HYPOTHETISCH: ja**

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

•

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 455:

25 RRGVSFLLSR QKWYHYVAAL QSPRARSLEN HLLSRFFFFL RVGVSLCCPK TRPGNCWGA60
GIAPVPQASR VGR 73

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 456:

35 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) **HYPOTHETISCH: ja**

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 456:

SWGNIVRLLP SKKKKNAKEG DSLESELWEI GERQHNDTIS AYLEGKKLLS FSCMVTVISS60
RKDISKE 67

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 457:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 457:

15 DQPSLPFIRH KTLNLTSMAT KIIGSPETKW IDATSGIYNS EKSSNLSVTT DFSESLOSSN60
IESKEINGIH DESNAFESKA S 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 458:

- 20 (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 458:

35 QLISPKAFRV LILNPKKSME FMMKAMLLNQ KHLESIFFEK P 41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 459:

- 40 (A) LÄNGE: 36 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 459:

IPEVASIHFV SGEPILVAI LVRLRVLCRI NGREGW

36

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 460:

(A) LÄNGE: 36 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 460:

NSEGFRRNQL LQIDLKIFLS CKFQKLHQST LFQVNL

36

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 461:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 461:

GRRNDQLNLH IPQAGPFAGP YRLGWPLLSS GIRLPDWLVL HVSILKLVIP WPPPGENQPH60
PASWGQWGRD FGLSEQLLEA AHD

83

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 462:

(A) LÄNGE: 93 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 462:

RRKASIIAFK GILLTLTQGV QSAREPILIS SSKMFLEENP WNVLKDVSGV RSSMWLAKGH60
LYLFQLEFIN SCSLVSLGAE VWHIFKPVHS RIQ 93

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 463:

15 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 463:

TLNPHKTLISA KKRARVIFFCI QDSTANLVFC YKNLVSHFLL KRTRITGTHP QLHETPSFLN60
EHESIYVHPS THMKMLCSST GMDGIRIKPI WKLKYF 96

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 464:

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 464:

NLFTMKFLPE FSPFDTNSMH VSTFETQPNV ISVKSSLSLP SSNLPSPRVY LPFCAHLSYS60

SMLFYNCDSP GSLGAI

76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 465:

- 5 (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 465:

20

NQRMIEIYSN TKTERKCHST LKAANTIDHF IWLPSQESH NCKITCYCNS NVHKMAGKL 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 466:

- 25 (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 466:

40

HATVTQMCTK WQVNSRRRQI TAWKTQGRFY RNDIWLSEGL

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 467:

- 45 (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 467:

IPLQRFSLLT SLFFVLKLDL LVVHASLSLV TVNNLPTSSN Q

41

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 468:

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 468:

LSKAIYFCKK AAACINHDHS STLNKKRKRF LSLTQSLPLC HSPRGWGWA HSKLTRLAIC60
EYFSK

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 469:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 469:

PDWLFVNTFP NKEGKGDVSY SGGKCSFSGK NGCRVGNQGS RCELLIRTGG KVVHSN

50

56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 470:

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren

- (B) TYP: Prot in
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 470:

15

ARPAPAGREG RGEGEATSRR CGVGHRAGPR EPAPHGAAV RPTPGPHHC AALSGAENYR 60
SRHAMKLASA LRRGPALHPL PPRANRGREP WRRHRPRGW AAASRTWRS 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 471:

20

- (A) LÄNGE: 399 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 471:

AAGACGARGS GRRGSYVPEV RCGAPGGAAG TGAPRSCCCQ TNP GPPSSLR RAFRRREL PF 60
PACHEIGLGA EAGSGPPPAP AARESRSRAM EEEASSPGLG CSKPHLEKLT LGITRILESS120
PGVTEVTIIE KPPAERHMIS SWEQNNCVM PEDVKNFYLM TNGFHMTWSV KLDEHIIPLG180
40 SMAINSISKL TQLTQSSMYS LPNAPTLADL EDDTHEASDD QPEKPHFDSR SVIFELDSCN240
GSGKVCLVYK SGKPALAEDT EIWFLDRALY WHFLTDTFTA YYRLLITHLG LPQWQYAFTS300
YGISPQAKQW FSKYKPITYN TNLLTEETDS FVNKLDP SKV FSKSNKIVIP KKKGPVQ PAG360
GQKGPSGPGS PSTSSTSKSS SGSETPPGK LRHPSFQFA 399

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 472:

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- 50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 472:

10 RSAGGFSMMV TSVTPGEDSR MRVMPRVFS RCGLLQPSPG DDASSSMARD RDSRAAGAGG60
GPDPAAPRP ISWHAGNGSS RRLKARRSDD GGGLV 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 473:

15 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 473:

30 KYVSHANISI YKWRTLTLLL FSYKIPNFVI ILSGITLYCK NASYFTFKFD NVCDEL 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 474:

35 (A) LÄNGE: 37 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 474:

50 WIFRVCCISR EIHFYILFYI KHLDKGHLTH FKKHKCI 37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 475:

- (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 475:

PKGLSIKVRRL NLDTRRKRCR LLNFIIHHIH CQI

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 476:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 476:

HIKIEFFGQN FWEAMHPTWA DIQPELFSRG EWYWQFMAEI HSDWLESMLY QLLNLSITL60
AYCYYYISSI YRQKGHFRNI

80

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 477:

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 477:

SSLGKTFGKQ CILHGLIFSL SCSQEESGTG SLWLKSILIG WSLCYTSC

48

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 478:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 478:

EQLRLNISPC RMHCFPKVLP KELYFYVLSH RTGEKCSGHC WDLIFLGMGS GLMILATGVQ60
ENGSPGSDSW 70

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 479:

(A) LÄNGE: 400 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 479:

50 PQQTPWAVAG RWCNGPSLHR NRAGLDLPTI DTGYDSQPQD VLGIRQLERP LPLTSVCYPQ 60
DLPRPLRSRE FPQFEPQRYP ACAQMLPPNL SPHAPWNYHY HCPGSPDHQV PYGHDYPRAA120
YQQVIQPALP GQPLPGASVR GLHPVQKVIL NYSPWDQEE RPAQRDCSFP GLPRHQDQPH180
HQPPNRAGAP GESLECPAEL RPQVPQPPSP AAVPRPPSNP PARGLKTSN LPEELRKVFI240
TYSMDTAMEV VKFVNFLLVN GFQTAIDIFE DRIRGIDIK WMERYLRDKT VMIIVAISP300
YKQDVEGAES QLDEDEHGLH TKYIHRMMQI EFIKQGS MNF RFIPVLF PNA KKEHVPTWLQ360

NTHVYSWPKN KKNILLRLLR EEEYVAPPRG PLPTLQVVPL

400

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 480:

- 5 (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 480:

20 SSSGWRVARG SRHSSWGRRL GNLWSQLCRA LQGLPRSTSS IRWLVMWLVL VPWKPRKGAV 60
SLCGPLFLVP GAGIQDNLL HRVQASHTGS RQGLPRQSRL DHLLVGCSRV VMAIWHLVIG120
TSRTMVMIVP WSMWGKIGRQ HLCTCWIPLR FKLRELPGE RSSEVLGVTH GGEGQGPFQL180
25 PDAQDILGLG IISRVYGWQI QACSVPVQAG AVAPSPCYRP RSLLR 225

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 481:

- (A) LÄNGE: 125 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
30 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 481:

45 KQRMQSSHRL HFKARVCGGL RGRALHNRFP GGQRASGGT EKNQPGVLPT SLSQNAVRTR 60
PQTWPLGLSDL GMNGVTREPP EGWAEAPVEE PHTLPLSAAA AGCFFYSWAS CRHECSEARW120
AHAPS 125

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 482:

- 50 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 482:

VAMTAKDCSI MIALSPCLQD ASSDQRPVVP SSRSRFAFSV SVLDLCLKPY ESIPHQYKLD60
GKIVNYYSKT VRAKDNVMS TRFKESEDCT LVLHKV 96

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 483:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 483:

LHCLPVCRRMP ALIKGLWSLH RGPGLPFPCL CWTLTSSPTR AFPISINWTA RSSTIIQRLY60
VPKTTT 66

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 484:

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 484:

NKAFRIRES D MSPGWERRTI QNVFPGLNGH FHFKSVSSFL GHSTHFLHSL SRKLFLVLFN 60
SMSPRGNPTS KGVKSKNIHN QRSPTTNI SIIQPSHYVQ VSKTLQGKS 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 485:

5

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 485:

CSSIPCLQEA IPPQKGLKAK TFTTKGHPTQ QKISLSFSLH IMFKFQRHCR ERVRPCGELM60
CNLRFP 66

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 486:

- (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 486:

ARPAPAGREG RGEGEATSR R CGVGH RAGPR EPAPHGAAAV RPTPGPHHHC AALSGAENYR 60
45 SRHAMKLASA LRRGPALHPL PPRANRGREP WRRRHRPRGW AAASRTWRS 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 487:

- (A) LÄNGE: 389 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 487:

15 AAGACGARGS GRRGSYVPEV RCGAPGGAAG TGAPRSCCCQ TNP GPPSSLR RAFRRREL PF 60
PACHEIGLGA EAGSGPPAP AARESRRAM EEEASSPGLG CSKPHLEKLT LGITRILESS120
PGVTEVTIIE KPPAERHMIS SWEQKNNCVM PEDVKNFYLM TNGFHTWSV KLDEHIIP LG180
SMAINSISKL TQLTQSSMYS LPNAPTLADL EDDTHEASDD QPEKPHFDSR SVIFELDSCN240
GSGKVCLVYK SGKPALAEDT EIWF LDRALY WHFLTD TFTA YYRLLITHLG LPQWQYAF TS300
YGISPQAKQW FSMYKPITYN TNLLTEETDS FVNKLDP SKV FSKSNKIVIP KKKGPVQPAG360
GQKGPSPSG PSTSSTSKSS SGSGNPTRK 389

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 488:

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 488:

40 RSAGGF SMMV TSVTPGEDSR MRVM PRVSFS RCGLLQPS PG DDASSMARD RDSRAAGAGG60
GPD PASAPRP ISWHAGNGSS RRLKARRSDD GG PGLV 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 489:

45

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 489:

LAAGRGKEEE MGFEDHGLPF LPLTHHTPPF PLSLSPLPKK KKKETFIMNQ QGFSPYQREM 60
WKELKKPPFV PNSTLPIFYA TQTLSEFWVPF LQMDLLRRII VFHVFSPPQT KINICIYNLY120
YCYIFVDNTF RWCWVIYYNL NLGISFGLPQ SC 152

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 490:

15 (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 490:

30 GPWLTFPAFD PSHPISSSFP LPAAKKKKKG NVYHESTGFQ SLSKRDVERA KETTLCSQLH60
FTHILCNTNT VLLGPFLTDG PLEKNYRIPR F 91

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 491:

40 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 491:

KWGTQRAGNF HYPILGLNLK EYIHYQELST KAGVKLHYTW LFTIPGSPQ HDCGRPKDIP60
RFRL 64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 492:

5

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 492:

RFTASRVGNE PDINTPSSMP CPPSGPVPVK AGSHFHPQA VPKALEEPKE RQEPSWELTL60
MTRGQLAQFP LFSWGEGTL 79

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 493:

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 493:

KSSPDPARHY GSPPEGERRG KRSVPKVNPR SLGPTSLPTA TSHQPHARAR PFPLQLTAQQ 60
45 MLGQNAPHL TKGLQPAGWE MNQILTPPPP CPAHLLGQYQ 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 494:

50

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 494:

KGSLPPTKQG KLGQLAPGHQ GQLPTWLLPF LGFFQGFNGS LGVGEVASCL HWYWPRRWAG60
HGGGGVNIWF ISHPAGCKPL VK 82

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 495:

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 495:

35 RVPSPQLNKG NWANWPLVIK VNSQLGSCLS LGSSRALGTA WGWEKWLPAP TGTGPEGGQG60
MEEGVLISSG FPTLLAVNL 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 496:

40 (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 496:

IQKVQYYTSP AAFVNGSLHS HWGTTVCMGR NSKCPHCGHW VGS AFCQGV C RNWLISVCQS60
DQHTKVS AIK NVASLHPPSC YSGPSNLM 88

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 497:

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren

10

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 497:

SHTSEKRRGT REEVTPASRS SISGVKRGTV ALPSWLRMRK SFLQWEEIHF SIPVQSDFMG60
PVLNSDCIIN TIKRDSEMG S RIHWDNSKAY NTALMDPT 98

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 498:

30

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 498:

AGYTPVSS TI RQLHQITGPR VTGWRMQGSH ILYGRDFGVL ITLAYRNKPI PADSLTKGTP60
HPMTTMRALA VSAHAHSCTP MAV 83

45

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 499:

(A) LÄNGE: 85 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 499:

GKICEYVNFL SLRDDRMFPY FSCKENNILT YTSCRKYHLF PLYYSTMFTL LYCQAESIKN60
VHIHFELCIL FLKKGAGLWH WAGHD 85

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 500:

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 500:

SYRLKGIGKC VFSRDHVESE QCWQTLPRKS CFSRCPCFGI SFLGRKKKSS LTIVNSISYF60
SFCCSNGFPP TIIPSIYVLL YSPLSPVTFL SNTFFPKF 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 501:

(A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 501:

5

VSSCTSNHGV RSSLSSGEHK CTERDVLVRT TKELPSLSLT QAMCTCDAAE CAGVGGGHVA60
PPEHFLTGKL GDPLLNVFE IRTVSFT 87

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 502:

(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 502:

TPKTLGCLLV SRVEQAQRES LGPELKEFIE PWQTGSKQPI LAAVLRRECG GQI 53

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 503:

(A) LÄNGE: 91 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 503:

PSGPFSSLES TLLQVQAA IASFLSDCNS PIRFPCFYIC PPHSLNTAA RMGCLLPVCH60
50 GSINSLSSGP KDSRWACSTR DTSRQPSVLG V 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 504:

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 504:

VFIFYDSLIIIP TSISSVHTVC QMFHAEPVSR ILLSDYGGFT TRPGSNSLGS KVGHSSMHR 59

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 505:

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 505:

DRKEFVNQKID PVFSYIQSST SEFLFLNIGV LALFLKDALY LKRKLDERTG CGAVKYFRPR60
SVYTFYRRNE VL 72

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 506:

- (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 506:

SILGPGLCTH FIEEMKYSEV FWLPFHFCNV LNLSDHYYIV LLGAVVSFIK PLACVQKFLK 60
GNTSNAYPLL ACYAACTAI AVCFTVFVKI PLSFLVTGK AC 102

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 507:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 507:

30 NNEHKMLFII TSICEISYCK TTTGLLLSL VIVFRLEMP TLVINITYN VFLGRHFIKC60
IMPWLLLR 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 508:

35 (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 508:

50

LKFLQVLKFF FYSLHWIYVF LIPNMFNWDV CHSRAARQTF KSNSHTAELA FLLTQKFRKL60
TVTVT 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 509:

- 5 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 509:

20 GPRAHWPLPN TMLEPKRANM GPEYNGDIFM FQPFNLTCLL LSFPPISNL FCLTIYYLLG60
ITSSYRIPSS LMSCPQY 78

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 510:

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 510:

SLKLLGFLDV ENTPCARHSI LYGSLGSVVA GFGHFLTSE YLYFLFLYVL KKAFLYIMNY60
FFF 63

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 511:

- 50 (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 511:

SFVKWSPNLK LGNYEEKIA RYLLRSACRS AVGLVTIGSK VLLQWQILWP LSG

53

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 512:

(A) LÄNGE: 43 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 512:

ICCRACHHWK QGPTSVADLV AFEWLKTTTL HRAGAMHRHP SLP

43

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 513:

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 513:

QALQQIYRQT LTDTGQFSLR RNFLVLSWVT ILQNFTT

37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 514:

5

- (A) LÄNGE: 228 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 514:

TGGARARRPL SAVARPARSS DPLRSAPLGP APPVNMIRCG LACERCRWIL PLLLLSAIAF 60
DIALAGRGW LQSSDHGQTS SLWWKCSQEG GGSGSYEEGC QSLMEYAWGR AAAAMLFCGF120
IILVICFILS FFALCGPQML VFLRVIGLL ALAAVFQIIS LVIYPVKYTQ TFTLHANRAV180
25 TYIYNWAYGF GWAATIILIG CAFFFCCLPN YEDDLLGNAK PRYFYTSA 228

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 515:

30

- (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 515:

45

DPLPPPSWEH FHHSEDVWPW SLDCNQPRPA SAMMSKAMAL SRSRGRIQRQ RSQARPQIRIM60
LTGGAGPSGA ERSGSEERAG RATAESGLRA RAPP 94

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 516:

- (A) LÄNGE: 208 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 516:

15 TLPKNGFKVA WRNSFFFWSP SQQQRFSPTE IPKLGRCEV PGLGIAQKVI FVVGEAEEEE 60
GTADQDNREGC PPKAVGPVID VSDSTVGMKG EGLGVLHGVN YQGDDLEHSS QGKETSNSHQ120
EDKHLGSTEG EGEDETDHQ DDEATEEHGS RCSTPRVLHE ALTALLVGPA AAALLGAFPP180
QRGRLAVVAR LQPAAAGQRD DVEGDGAE 208

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 517:

(A) LÄNGE: 204 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 517:

40 PSCPPEMKKE LPVDSCIPRS LELHPQKMDP KRQHIQLLSS LTECLTVDPL SASVWRQLYP 60
KHLSSQSSLL EHLSSWEQI PPKVQKSLQE TIQSLKLTNQ ELLRKGSSNN QDVVTCDMAC120
KGLLQOVQGP RLPWTRLLLL LLVFAVGFLC HDLRSHSSFQ ASLTGRLLRS SGFLPASQQA180
CSKFTPTVCK VTGWLGEKCR FGVP 204

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 518:

45

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 518:

PEVMAQEAYS EDQQQQEEPR PGQPRTLNLL QQALAGHVTG DDILVVTATL PQQLLVGKLE60
GLNGFLQRL L YLLGNLLPGA EQVLQKAGL 90

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 519:

15 (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 519:

30

GTPKRHFSPN QPVTLQTVGV NLEHACWLAG KKPDDRSNRP VREAWKELCD RRSWHRKPTA60
KTSSNRRSRV QGSRGP 76

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 520:

40 (A) LÄNGE: 355 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 520:

FRHSMNGCEK DSSSTDSANE KPALIPREKK ISILEEPSKA LRGVTGPNIE KSVKDLQRCT 60

VSLTRYRVMI KEEVDSSVKK IKAFAELHN CIIDKEVSLM AEMDKVKEEA MEILTARQKK120
AEELKRLTDL ASQMAEMQLA ELRAEIKHFV SERKYDEELG KAARFSCDIE QLKAQIMLCG180
EITHPKNNYS SRTPCSSLLP LLNAHAATSG KQSNFSRKSS THNKPSEGKA ANPKMVSSLP240
STADPSHQT PANKQNGSSN QRRRFNPQYH NNRLNGPAKS QGSGNEAEPL GKGNSRHEHR300
5 RQPHNGFRPK NKGGAQNQEA SLGMKTPEAP AHSEKPRRRQ ARCRTPREGQ GPFRG 355

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 521:

- 10 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

- 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 521:

NQNVKNRGTO KKCLPSVEKL PNPPWGQKNA TVKTPNRKLT PERPLALPRC PAACLPSPGL 60
FRMGRGLGGL HPQGSLLIFG TAFVFGPEAV VRLSSVFVAA VALSQWLGF I PTALRLGRPI120

- 30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 522:

- 35 (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

- 45 :
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 522:

RAVRISMASS LTLISIAINE TSLMMQLCN SAKAALIFFT ELSTSSLIMT RYLVRETVQR 60
50 CKSFTDFSIF GPVTPRSFAE GSSSIEIFFS RGIRAGFSLA ESVDLSFSQ PFMLCR 116

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 523:
55

- (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren
- (B) TYP: Prot in
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 523:

```
RRQRKAEPGA CALGRVGSEC IPEPGARRTA QAAGLRVSG AANTKVRELK HFRFLGLLRS 60
CRSEMEVDAP GVDGRDGLRE RRGFSEGG RQ NFDVRPQSGA NGLPKHSYWL DLWLFILFDV120
VVFLFVYFLP                                     130
```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 524:

25

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 524:

40

```
ISANKSWQKI HKEKHHHIEK DEKPEVQPVG VFGKPICPRL RPHIEVLPPS LAKASPLPET60
ISTINTRCVH LHLAPAAS                                     78
```

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 525:

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 525:

10 GLTSKFCLPP SLKPRRSRRP SRPSTPGAST SISLLQLRNN PRNRKCLSSR TLVFAAPETE60
RSPAACAVRR APGSGMHSEP TLPSAQAPGS AFRCL 95

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 526:

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 526:

35 SLNSTFSVLP QKFPQFQQHR AVYNSFSFPG QAARYPWMAF PRNSIMHLNH TANPTSNSNF 60
LDLNLPPQHN TGLGGIPVAG EEEVKVSTMP LSTSSHSLQQ GQOPTSLHTT VA 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 527:

40 (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 527:

RFRPCHCQPL PIHYNKDSSL QVSTLLWPDN RTERRGLDSG VLAWATGFLH DSFMILLMY60
TPRRANINVP HA 72

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 528:

- 10 (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 528:

25 RNHAKIQ LPM QAPQSLILSS QFCCQATVVW RLVGCCPCCN EWEEVD SG MV ETFTSSSPAT 60
GIPPRPVLCC GGRFKSKLL FEVGFAVWFK CMMLLRGKAI QG 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 531:

30

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1708 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
35 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

- 40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 531

CCTGGAAACA AGATCCAAAC CCAAGTGACC CCGCCGGAAA GTGACCCAGT CAGGTTTAAA 60
AATCCAACA AACCGACGTG AACAAATAGA CCGACCAACC AAATATACAA TCCGTCAAAA 120

```

TACATTCACT TCCACTACGA AACCCCAACA AAGGGTGTGA ATGCCCGCCC AGGAGAGACG 180
GTTTTGGTTC CATCAAGTGT GTGGATCGTG ATGTTCGTAT GTTCTCCAC TTCAGTGAAA 240
TTCTGGATGG GAACCAGCTC CATATTGCAG ATGAAGTAGA GTTACTGTG GTTCCTGATA 300
TGCTCTCTGC TCAAAGAAAT CATGCTATTA GGATTAAAAA ACTTCCCAAG GGCACGGTTT 360
5 CATTTCATT CCATTCAGAT CACCGTTTTT TGGGCACGGT AGAAAAAGAA GCCACTTTTT 420
CCAATCCTAA AACCCTAGC CCAAATAAAG GCAAAGAGAA GGAGGCTGAG GATGGCATT 480
TTGCTTATGA TGACTGTGGG GTGAAACTGA CTATTGCTTT TCAAGCCAAG GATGTGGAAG 540
GATCTACTTC TCCTCAAATA GGAGATAAGG TTGAATTTAG TATTAGTGAC AAACAGAGGC 600
CTGGACAGCA GGTTGCAACT TGTGTGCGAC TTTTAGGTCG TAATTCTAAC TCCAAGAGGC 660
10 TCTTGGGTTA TGTGGCAACT CTGAAGGATA ATTTTGGATT TATTGAAACA GCCAATCATG 720
ATAAGGAAAT CTTTTTCCAT TACAGTGAGT TCTCTGGTGA TGTGATAGC CTGGAAGTGG 780
GGGACATGGT CGAGTATAGC TTGTCCAAAG GCAAAGGCAA CAAAGTCAGT GCAGAAAAAG 840
TGAACAAAAC ACACTCAGTG AATGGCATT CTGAGGAAGC TGATCCCACC ATTTACTCTG 900
GCAAAGTAAT TCGCCCCCTG AGGAGTGTTG ATCCAACACA GACTGAGTAC CAAGGAATGA 960
15 TTGAGATTGT GGAGGAGGGC GATATGAAAG GTGAGGTCTA TCCATTGGGC ATCGTTGGGA1020
TGGCCAACAA AGGGGATTGC CTGCAGAAAG GGGAGAGCGT CAAGTTCCAA TTGTGTGTCC1080
TGGGCCAAAA TGCACAAACT ATGCTTACA ACATCACACC CCTGCGCAGG GCCACAGTGG1140
AATGTGTGAA AGATCAGTTT GGCTTCATTA ACTATGAAGT AGGAGATAGC AAGAAGCTCT1200
TTTTCCATGT GAAAGAAGTT CAGGATGGCA TTGAGCTACA GGCAGGAGAT GAGGTGGAGT1260
20 TCTCAGTGAT TCTTAATCAG CGCACTGGCA AGTGCAGCGC CTGTAATGTT TGGCGAGTCT1320
GTGAGGGCCC CAAGGCTGTT GCAGCTCCTC GACCTGATCG GTTGGTCAAT CGCTTGAAGA1380
ATATCACTCT GGATGATGCC AGTGCTCCTC GCCTAATGGT TCTTCGTCAG CCAAGGGGAC1440
CAGATAACTC AATGGGGTTT GGTGCAGAAA GAAAGATCCG TCAAGCTGGT GTCATTGACT1500
AACCACATCC ACAAAACACA CCATTAATCC ACTATGATCA AGTTGGGGGG AATCTGGTGA1560
25 AGGGTTCTGA ATATCTCCCT CTTTCATCCCT CCCGAAATCT GGAATACTTA TTCTATTGAG1620
CTATTACACC AGTTTTAACA CCTTCCTCGT GTTATGTTTA AAAAAATAAA TAAATTTAAG1680
AAAACCATTT TAAATAATGA AAAGTTGG 1708

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 532:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2128 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 532

```

CTGTATCCTA ATTTCTTGGT GAATGAACTC ATTCTTAAAC AGAAGCAAAG ATTTGAGGAA 60
AAGAGGTTCA AATTGGACCA CTCAGTGAGT AGCACCAATG GCCACAGGTG GCAGATATTT 120
55 CAAGATTGGT TGGGAACTGA CCAAGATAAC CTTGATTTGG CCAATGTCAA TCTTATGTTG 180
GAGTTACTAG TGCAGAAGAA GAAACAACCTG GAAGCAGAAT CACATGCAGC CCAACTACAG 240
ATTCTTATGG AATTCCTCAA GGTGCAAGA AGAAATAAGA GAGAGCAACT GGAACAGATC 300
CAGAAGGAGC TAAGTGTTTT GGAAGAGGAT ATTAAGAGAG TGAAGAAAT GAGTGGCTTA 360

```

TACTCTCCTG TCAGTGAGGA TAGCACAGTG CCTCAATTTG AAGCTCCTTC TCCATCACAC 420
AGTAGTATTA TTGATTCCAC AGAATACAGC CAACCTCCAG GTTTCAGTGG CAGTTCTCAG 480
ACAAAGAAAC AGCCTTGGTA TAATAGCACG TTAGCATCAA GACGAAAACG ACTTACTGCT 540
CATTTTGAAG ACTTGGAGCA GTGTTACTTT TCTACAAGGA TGTCTCGTAT CTCAGATGAC 600
5 AGTCGAACTG CAAGCCAGTT GGATGAATTT CAGGAATGCT TGTCCAAGTT TACTCGATAT 660
AATTCAGTAC GACCTTTAGC CACATTGTCA TATGCTAGTG ATCTCTATAA TGGTTCCAGT 720
ATAGTCTCTA GTATTGAATT TGACCGGGAT TGTGACTATT TTGCGATTGC TGGAGTTACA 780
AAGAAGATTA AAGTCTATGA ATATGACACT GTCATCCAGG ATGCAGTGGA TATTCATTAC 840
CCTGAGAATG AAATGACCTG CAATTCGAAA ATCAGCTGTA TCAGTTGGAG TAGTTACCAT 900
10 AAGAACCTGT TAGCTAGCAG TGATTATGAA GGCACGTGTA TTTTATGGGA TGGATTACACA 960
GGACAGAGGT CAAAGGTCTA TCAGGAGCAT GAGAAGAGGT GTTGGAGTGT TGACTTTAAT1020
TTGATGGATC CTAAACTCTT GGCTTCAGGT TCTGATGATG CAAAAGTGAA GCTGTGGTCT1080
ACCAATCTAG ACAACTCAGT GGCAAGCATT GAGGCAAAGG CTAATGTGTG CTGTGTTAA1140
TTCAGCCCCCT CTCACAGATA CCATTTGGCT TTCGGCTGTG CAGATCACTG TGTCCACTAC1200
15 TATGATCTTC GTAACACTAA ACAGCCAATC ATGGTATTCA AAGGACACCG TAAAGCAGTC1260
TCTTATGCAA AGTTTGTGAG TGGTGAGGAA ATTGTCTCTG CCTCAACAGA CAGTCAGCTA1320
AACTGTGGA ATGTAGGGAA ACCATACTGC CTACGTTCCT TCAAGGGTCA TATCAATGAA1380
AAAAACTTTG TAGGCCTGGC TTCCAATGGA GATTATATAG CTTGTGGAAG TGAATAAAC1440
TCTCTCTACC TGTACTATAA AGGACTTTCT AAGACTTTGC TAACTTTTAA GTTTGATACA1500
20 GTCAAAAGTG TTCTCGACAA AGACCGAAAA GAAGATGATA CAAATGAATT TGTTAGTGCT1560
GTGTGCTGGA GGGCACTACC AGATGGGGAG TCCAATGTGC TGATTGCTGC TAACAGTCAG1620
GGTACAATTA AGGTGCTAGA ATTGGTATGA AGGGTTAACT CAAGTCAAAT TGTACTTGAT1680
CCTGCTGAAA TACATCTGCA GCTGACAATG AGAGAAGAAA CAGAAAATGT CATGTGATGT1740
CTCTCCCCAA AGTCATCATG GGTTTTGGAT TTGTTTTGAA TATTTTTTTC TTTTTTCTT1800
25 TTCCCTCCTT TATGACCTTT GGGACATTGG GAATACCCAG CCAACTCTCC ACCATCAATG1860
TAACTCCATG GACATTGCTG CTCTTGGTGG TGTTATCTAA TTTTGTGAT AGGGAAACAA1920
ATTCTTTTGA ATAAAAATAA ATAACAAAC AATAAAAGTT TATTGAGCCA CAAAAAAA1980
AAAAAATAA AAAAAAATAA AAAAAAGAGT TACGAAGTAG CATATGTGAA2040
CTATAATGTA ACAGTGAATA ATTTGTAAAG TTCGTATTTC CCAACCTCTT TGGGAATTAC2100
30 ACATATCAAT ATAAACAAAA TATAAAGT 2128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 533:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
35 (A) LÄNGE: 2640 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
40 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
45
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
50
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 533
55
- CTAGCAAGCA GGTAACGAG CTTTGTACAA ACACACACAG ACCAACACAT CCGGGGATGG 60
CTGTGTGTTG CTAGAGCAGA GGCTGATTAA AACTCAGTG TGTTGGCTCT CTGTGCCACT 120
CCTGGAAAAT AATGAATTGG GTAAGGAACA GTTAATAAGA AAATGTGCCT TGCTAACTGT 180

GCACATTACA ACAAAGAGCT GGCAGCTCCT GAAGGAAAAG GGCTTGTGCC GCTGCCGTTT 240
AAACTTGTCA GTCAACTCAT GCCAGCAGCC TCAGCGTCTG CCTCCCCAGC ACACCCTCAT 300
TACATGTGTC TGTCTGGCCT GATCTGTGCA TCTGCTCGGA GACGCTCCTG ACAAGTCGGG 360
AATTTCTCTA TTTCTCCACT GGTGCAAAGA GCGGATTCTT CCTTGCTTCT CTTCTGTCAC 420
5 CCCCCTCCT CTCCCCCAGG AGGCTCCTTG ATTTATGGTA GCTTTGGACT TGCTTCCCCG 480
TCTGACTGTC CTTGACTTCT AGAATGGAAG AAGCTGAGCT GGTGAAGGGA AGACTCCAGG 540
CCATCACAGA TAAAAGAAAA ATACAGGAAG AAATCTCACA GAAGCGTCTG AAAATAGAGG 600
AAGACAACT AAAGCACCAG CATTGAAGA AAAAGGCCTT GAGGGAGAAA TGGCTTCTAG 660
ATGGAATCAG CAGCGGAAAA GAACAGGAAG AGATGAAGAA GCAAAATCAA CAAGACCAGC 720
10 ACCAGATCCA GGTTCCTAGAA CAAAGTATCC TCAGGCTTGA GAAAGAGATC CAAGATCTTG 780
AAAAAGCTGA ACTGCAAATC TCAACGAAGG AAGAGGCCAT TTAAAGAAA CTAAAGTCAA 840
TTGAGCGGAC AACAGAAGAC ATTATAAGAT CTGTGAAAGT GGAAAGAGAA GAAAGAGCAG 900
AAGAGTCAAT TGAGGACATC TATGCTAATA TCCCTGACCT TCCAAAGTCC TACATCCCTT 960
CTAGGTTAAG GAAGGAGATA AATGAAGAAA AAGAAGATGA TGAACAAAAT AGGAAAGCTT1020
15 TATATGCCAT GGAAATTAAA GTTGA AAAAG ACTTGAAGAC TGGAGAAAGT ACAGTTCTGT1080
CTTCCAATAC CTCTGGCCAT CAGATGACTT TAAAAGGTAC AGGAGTAAAA GTTTAAGATG1140
ATGGGCAAAA GTCCAGTGTA TTCAGTAAAG TGCTAATCAC AAGTTGGAGG TCAATGGCAC1200
CGATGGCCTG GCACCAGTTG AAGTAGAGGA ACTTCTAAGA CAAGCCTCAG AGAGAACTC1260
TAAATCCCCA ACAGAGTATC ATGAGCCTGT ATATGCCAAT CCCTTTTACA GGCCTACAAC1320
20 CCCACAGAGA GAAACGGTGA CCCCTGGACC AACCTTCAA GAAAGGATAA AGATTTAAAC1380
TAATGGACTG GGTATTGGTG TAAATGAATC CATACACAAT ATGGGCAATG GTCTTTTCAGA1440
GGAAAGGGGA AACAACCTCA ATCAGATCAG TCCCATTCCG CCAGTGCCTC ATCCCCGATC1500
AGTGATTCAA CAAGCAGAAG AGAAGCTTCA CACCCCGCAA AAAAGGCTAA TGACTCCTTG1560
GGAAGAATCG AATGTCATGC AGGACAAAGA TGCACCTCT CCAAAGCCAA GGCTGAGCCC1620
25 CAGAGAGACA ATATTTGGGA AATCTGAACA CCAGAATTCT TCACCCACTT GTCAGGAGGA1680
CGAGGAAGAT GTCAGATATA ATATCGTTCA TTCCCTGCCT CCAGACATAA ATGATACAGA1740
ACCGGTGACA ATGATTTTCA TGGGGTATCA GCAGGCAGAA GACAGTGAAG AAGATAAGAA1800
GTTTCTGACA GGATATGATG GGATCATCCA TGCTGAGCTG GTTGTGATTG ATGATGAGGA1860
GGAGGAGGAT GAAGGAGAAG CAGAGAAACC GTCCTACCAC CCCATAGCTC CCCATAGTCA1920
30 GGTGTACCAG CCAGCCAAAC CAACACCACT TCCTAGAAAA AGATCAGAAG CTAGTCCTCA1980
TGAAAACACA AATCATAAAT CCCCCACAA AAATTCCATA TCTCTGAAAG AGCAAGAAGA2040
AAGCTTAGGC AGCCCTGTCC ACCATTCCCC ATTTGATGCT CAGACAACTG GAGATGGGAC2100
TGAGGATCCA TCCTTAACAG CTTTAAGGAT GAGAATGGCA AAGCTGGGAA AAAAGGTGAT2160
CTAAGAGTTG TACCACCTAT ATAAACATCC TTTGAAGAAG AAATAAGAA GCATTTGCAA2220
35 ATTTCTCTTC TGATATTTT GTTTATTTT TGTGAAGTCC AAAAAATTAT CATTACAGTG2280
TACCATATTA AGCCATGTGA ATAAGTAGTA GTCATTATTT GTGAAAAATT CCAAAAAGC2340
TGGGGA AAATGTGTAA CTTTCCAGT TACTTGACAC GATTGAGTG GGGAAAACCA2400
GCATTTTTTA TTCTATTGAT ACCAAAGCAT TTCTAATAAG AGCTTGTTAA ATTTAAGAAT2460
AAAGTTATTT AAAATATTCT GAGTATAGTA TATTAACCTG CATTGTAATT TTGATGATAC2520
40 AAAGATTGAA AGATCATAGG AAAGCATTCG CCTTCATCAC AGAAGTATTC AACTCTGACA2580
AATAAATATG TCATCCTGAA TTAATAATGC CTTAATAAAA GTACATCCTC CTGCTAAAAA2640

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 534:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1245 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 534

10 TGCAGCGCGT GCGTGCTGCG CTACTGAGCA GCGCCATGGA GGA CTCTGAA GCACTGGGCT 60
TCGAACACAT GGGCCTCGAT CCCC GGCTCC TTCAGGCTGT CACCGATCTG GGCTGGTCGC 120
GACCTACGCT GATCCAGGAG AAGGCCATCC CACTGGCCCT AGAAGGGAAG GACCTCCTGG 180
CTCGGGCCCG CACGGGCTCC GGAAGACGG CCGCTTATGC TATTCCGATG CTGCAGCTGT 240
TGCTCCATAG GAAGGCGACA GGTCCGGTGG TAGAACAGGC AGTGAGAGGC CTGTGTTCTTG 300
TTCCTACCAA GGAGCTGGCA CGGCAAGCAC AGTCCATGAT TCAGCAGCTG GCTACCTACT 360
GTGCTCGGGA TGTCCGAGTG GCCAATGTCT CAGCTGCTGA AGACTCAGTC TCTCAGAGAG 420
15 CTGTGCTGAT GGAGAAGCCA GATGTGGTAG TAGGGACCCC ATCTCGCATA TTAAGCCACT 480
TGACGAAGA CAGCCTGAAA CTTCTGACT CCCTGGAGCT TTTGGTGGTG GACGAAGCTG 540
ACCTTCTTTT TTCCTTTGGC TTTGAAGAAG AGCTCAAGAG TCTCCTCTAG TCACTTGCCC 600
CGGATTTACC AGGCTTTTCT CATGTCAGCT ACTTTTAACG AGGACGTACA AGCACTCAAG 660
GAGCTGATAT TACATAACCC GGTTACCCTT AAGTTACAGG AGTCCCAGCT GCCTGGGCCA 720
20 GACCAGTTAC AGCAGTTTCA GGTGGTCTGT GAGACTGAGG AAGACAAATT CCTCTGCTG 780
TATGCCCTGC TCAAGCTGTC ATTGATTCGG GGCAAGTCTC TGCTCTTTGT CAACACTCTA 840
GAACGGAGTT ACCGGCTACG CCTGTCTTG TAGGAGTTCA GCATCCCCAC CTGTGTGCTC 900
AATGGAGAGC TTCCACTGCG CTCCAGGTGC CACATCATCT CACAGTTCAA CCAAGGCTTC 960
TACGACTGTG TCATAGCAAC TGATGCTGAA GTCTGGGGG CCCCACGTCA ACGGGCAATG1020
25 CGACCCCGGC GACGAGCCAA AACGGGGACA ATGGCCTCTC GATTCCTGGA ACGCACGGTC1080
GTGGCCCTGG GGCAC TAGAC CTTCCACCAT CGTGTCTGCA TGTGCTCAAC TTTTGATCTT1140
CCCCCCAAC CCCTGAGGCC TAACATCCAT CGAGCTTGGC AGGACAGCAA CGCGCTAACA1200
ACCCAGGGCA TAGGTCTTAA CCTTTGGTGC TTTCCACGG AGGCG 1245

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 535:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 822 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 535

55 AAGATCGGTC TTTGTCTTA TCCTATCCT TATTCTAATG GCAGTTAGAT GCNNTTCTTT 60
AGAGGGGGCA ATGAGACAGC CAGGTGGGAA GGGGTCCCCA GAGAACTCC AGCCTGCACA120
CTGGGAGGAG TGTGCACTGG GGTGAAGCCA CCGGAAGTTT GCGCCATCTC CAGTGGGGAA180

GAGCCCAGCC CCTCCTCTTC CTGGGTGGGA AACTGCGATT CAAACTGCCA GGTGGGAAGT240
 CCATGGGCAG GAAACAGGCT CTCGNTTTC TAAGAGTCTC TGTTTCCCCC TTTTTCCTT300
 TATGCCTAAT TAATAAATTC CATTTTCTC ACCCTTCAA CAGCCTGTGA GCCTAAATTT360
 TTGTGGCCAT GGGACAGACA AGGACCCCGT CTTAGCTGA ACTAAGGAGA AAGTCCCCAA420
 5 ACAATGGGAA GAAAGGCAGG GAGTAGACAT CCAATTCCT GCGTGGATT GTGGAGGGT480
 ACCATGGTTC TGACCAGATG TGTATCAGGA GCTGTGTGC AGGAAGTCTC AGGAATGAAG540
 TTGATAGCTT TCTTTCCATC ACATGATGAC TGAAAAGACG AAGGCATCTA ATGAGTTAGA600
 GTCACACCAT CTCATGCCTG TATACTATCA AACAACCTTT GGGAAGCTAG CCTTGGTTGG660
 GAAAACATCA TTTCTTAACT GAATGCCTGG ATGCAAGCAA AGTCTCATTC TTGATCATGA720
 10 TGAGGTTTAC CATGTCTTCT TGACAGGATC CTGCAAACAA ACCCACAATT GCTACTATGA780
 CATGCAACTC CATGGTTAAT TCCTTGATA GCAAATAGCT CG 822

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 536:

- 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2703 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 30 (C) ORGAN:
 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 536

AGTTCGCGCAC AGGGGGAGGA ACCTGGCCCT GGGAGGAGGC TGTTGCGTGC TCCTAGAGAA 60
 TCCCGTTCTG AAGGGAAGAG CATGTTTGCG GCGTCCCCA CCATGCGTGA GAGCTCCCCC 120
 AAACAGTACA TGCAGCTCGG AGGCAGGGTC TTGCTGGTTC TGATGTTTAT GACCTCCTT 180
 40 CACTTTGACG CCAGCTTCTT TTCTATTGTC CAGAACATCG TGGNGCACAN GCTCTGATGA 240
 TTTTNAAGTG CCATTGGTTT TAAAACCAAG CTGGCTGCTT TGAATCTTGT TGTGTGCTC 300
 TTTGCCATCA ACGTATATTT CAACGCCTTC TGGACCATTC CAGTCTACAA NGCCCATGCA 360
 TGAATTCNTT GAAATACGAC NTTCTTCCAG ACCATGTCGG TGATTGGGGG CTGCTCCTG 420
 GNTGGNTGGC CCTGGGCCCT NGGGGGTGTG TCCATGGATG AGAAGAAGAA GGAGTGGTAA 480
 45 CAGTCACAGA TCCCTACCTG CCTGGCNTNA AGACCCNGTN GGCCGTCAAG GNACTGGNTT 540
 CNGGGGTGGA TTCAACNAAA ANCTGNCCAG CTTTNNATGT ATCTCTTCC CTTCCCTCC 600
 CTTGGTAAAG GCACAGATGT TTTGAGAANC TTTATTTGCA GAGACACCTG AGAATNCAT 660
 GGNCTCAGTC TGCTCTGGAG CCACAGTCTG GCGTCTGACC CTTCAGTNGC AGGCCNAGCC 720
 TGGCANGCTG GNAAGCCNTC CCCCACGCC GAGGCTTTNG GNAGTGAANC AGNCCCGCTT 780
 50 NGGNTGTGG CATNTCAGT CCNTATTTT GAGTTTTTT GTGGGGGTAN NCAGGAGGGG 840
 GCCTTCAAGC TGTACTGTGA NGCAGACGCA NTGGTATTA TCATTCAAAG CAGTCTCCCT 900
 CTTNATTGT AAGTTTNACA TTTTNNAGC GGAACTACT AAATTATTTT GGGNTGGTTC 960
 AGCCAAACCT CAAAACAGTT AATCTCCNT GGNNTTNAAT ATCACACCAG TGGNCTTNG1020
 ATGTTGTTTC TGCCCCGCAT TNGTATTTA TAGGNNATA GTGAAAACAT TTAGGGNACA1080
 55 CCAANAGAA TGATNGCAGT ATTAAGGGG TGGTAGAAGC TGCTGTTTAT GATAAAGTC1140
 ATCGGTCAGA AAATCAGCTT GGATTNGGTG CCAAGTGNNN TTTTATGGG TAACACCTG1200
 GGAGTTTATG TAGCTTGAGG CAAGGTGGAG GGGCAAGAAG TCCTTGGGGA AGCTGCTGGT1260
 CTGGGTNGCT NGCTGGCCTC CAAGCTGGCA GTGGGAAGGG CTAGTGNAGA CCACACANGG1320

GGTAGCCCN AGCAGCAGCA CCCTGCAANG CCAGCCNTGG CCNAGCTNNG CTCNAGACCA1380
 GCNTTNGCAG ANGCCGCAGN CCGCTGTNNG GGCANGGGGG TGTNNGCAGG AGCTCCCNAG1440
 CACTNNGNAG ACCCACGGAC NTCAACCCAG TTNACCTCAC ATGGGGCCNT TTCNTGAGC1500
 AAGGTCTNCG AAAGCGCAGG CCGCCCTGGN CTGAGCAGCA CCGCCCTTTC CCAGCTGCAC1560
 5 TCGCCCTGTG GACAGCCCCG ACACACCANC TTTCCTNGAG GCTGTCGCTC ACTCAGATTG1620
 TCCGTTTGCT ATGCCGAATG CAGCCAAAAN TTCCTTTTTC CAATTTGTGA TGCCTTACCG1680
 ATTTGATCTT AATCCTGTAT TTAAAGTTTT CTAACACTGN NCCTTAAACT GTGTTTCTCT1740
 TTTTGGGGGA GCTTAACTGC TTGTTGCTCC CTGTCGTCTN GCACCATAGT AAATGCCACA1800
 AGGGTAGTCG AACACCTCTC TGGCCCTAG ACCTATCTGG GGACAGGCTG GCTCAGNCTG1860
 10 TCCTNCCANGG GCTGCTGCGG CCCAGCCCCG AGCCTGCCTC CCTCTTGGNC CTCTCATCCA1920
 TTGGNCTCTG CAGGGCANGG GGTGAGGCAG GTTCTNNGCN TCATAAGTGC TTTNNGGAAG1980
 TCACCTACCT TTTTAAACACA GCCGAACAN GTCCCAACGC GNTTGTGAAA TATTCCCCTN2040
 GGTAGCCTAC TTNCCTTANC CCCCGAANTA TTGGTAAGAT CGAGCAATGG NNCTTCAGGA2100
 NCATNGGGTT CTCTTCTCCT GTGATCATTN CAAGTGCTCA CTGCNATNGA ANGACTNNGC2160
 15 TTGNTCNTCA GTGTTTCNAA CCTNCACCAG GGCNTGTCTC TTGGTCCACN ACCTCGCTCC2220
 CTGTTAGTGC CGTATGACAG CCCCCNATCN AAATGACCTT GGCCNAAGTN CACNGGTTTC2280
 TCTGTGGTNC AAGGTTGGTT GGCTGATTGG TGGAAANGTN AGGGTGNGAC CNAAANGGAG2340
 GNCCACGTGA NGCAGNTCNA GCACCANNGT TNCTGCANCC AGCAGCNGCC TCCGTNCCTA2400
 GTGGGTGTTN CCTNGTTTCN TNCCTGGCCC NTGGGTNGGG CTNAGGGNCC TGATTCGGGN2460
 20 AANGATGCCT TTGNCANGGG AGGGGAGGAN TAAGTGGGAT CTACCNAANT TNGATTCTGG2520
 CAAAACAANT TTCTAAGANT TTTTTTGCTT TATGTGGGNA AACAGATCTA AATCTCATTT2580
 TATGCTGTAT TTTATATCNT TNAGTTGTGT TTGAAAACNG TTTNTGATTT TTGGAAACAC2640
 ATCAAAATAA ATAATGGCGT TTGTTGTAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA2700
 AAA 2703

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 537:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2664 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 537

50 CTCCCAGGGA GTGCTGAGTA GTGATGGTGT CTGGAGGGTC AAATCCATTC CCAATGGCAA 60
 AGGTTCCCTCA CCACTCCCCA CCGCTACAAC TCCAAAACCA CTTATCCCTA CAGAGGCCAG 120
 CATCAGGGTC TGGGGCACGA CGGGCACGAG CCATCTCCAT CCCCAGGAGCA TCTGTATGAT 180
 TCAGAAGTAC AACCCAGATG GGGAAAGCAGG TCGGCTGGAG GCTTTTAGCC AAGGGGAAAG 240
 TGTCCTAAAG GAACCAAGT ACCAGGAAGA GCTGGAGGAC AGGCTGCATT TCTACGTGGA 300
 55 GGAATGTGAC TACTTGCAGG GCTTCCAGAT CCTGTGTGAC CTGCACGATG GCTTCTCTGG 360
 GGTAGGCGCG AAGCGGCGAG AGCTGTACA AGATGAATAT TCAGGGCGGG GAATAATAAC 420
 CTGGGGCCTG CTACCTGGTC CCTACCATCG TGGGGAGGCC CAGAGAAACA TCTATCGTCT 480
 ATTAAACACA GCTTTTGGTC TCGTGACCT GACTGCTCAC AGCTCTCTTG TCTGCCCTT 540

```

GTCCTTGGGT GGGAGCCTGG GCCTGCGACC CGAGCCACCT GTCAGCTTCC CTTACCTGCA 600
TTATGATGCC ACTCTGCCCT TCCACTGCAG TGCCATCCTG GCTACAGCCC TGGACACAGT 660
CACTGTTCCCT TATCGCCTGT GTTCTCTCC AGTTTCCATG GTTCATCTGG CTGACATGCT 720
GAGCTTCTGT GGGAAAAAGG TGGTGACAGC AGGAGCAATC ATCCCTTTCC CTTGGCTCC 780
5 AGGCCAGTCC CTTCTTGATT CCCTGATGCA GTTTGGAGGA GCCACCCCAT GGACCCCACT 840
GTCTGCATGT GGGGAGCCTT CTGGAACACG TTGCTTTGCC CAGTCAGTGG TGCTGAGGGG 900
GTATAGACAG AGCATGCCAC ACAAGCCACA GAACCAAAGG GACACCTCCA CCCTCTGCCC 960
TTCATGCATG TACCACTGGG GAAGAAATCT TGGCTCAGTA TTTACAACAG CAGCAGCCTG1020
GAGTCATGAG TTCTTCCCAT CTGCTGCTGA CTCCCTGCAG GGTGGCTCCT CTTACCCCT1080
10 ACCTCTTCTC AAGCTGCAGT CCACCGGGTA TGGTTCTGGA TGGTTCCCCC AAGGGAGCAG1140
GTCCTCTGTT TCCCTCTCCC TTCCACAGCA GTGGAGAGCA TCCCAGTGTT TGGGGCACTG1200
TGTTCTCTT CGTCCCTGCA CCAGACCCTG GAAGCCTTGG CCAGAGACCT CACCAAACCT1260
GACTTGGCGG GCTGGGCCAG CTTCATGGAT GCTGGAGTGG AGCAGCATGA CGTAGCAGAG1320
CTGCTGCAGG AGCTACAAAG CCTGGCCCAG TGCTACCAGG GTGGTGACAG CCTCTGGAC1380
15 TAAAGTTCCC AGTGTGGGAG AAAGGAGCTA GTTTGCAATA AAAACAGCTG GATGCAGGAG1440
CCCAGTGTCT TCATGCAGAG GAGCTCAATG TCGCGGGACT AGCTACACCA ACATATGCAC1500
TTTTTACATT TAGAAACACT GTGATTAGAC CACAGAACAA TAAATATGTG CCATCAGACC1560
AAAAAAAAGT AGAGAAAGGA GCTGAACCTC ACTCTCGATG CTATTTACAG AGGACATCTG1620
TAAAGTCTTC ATAAAAGACC TTGAATGATG CCTAGGATGG CAGAGCCCCC GGGTCCTACT1680
20 CCATCCTCCA GCCTTTGTCC TTGTCCTGGC CTCCTGCTCT CCAGATCTGT AAACGGGGCT1740
CAAGGACTGT ACAAGCAGAG TACAACCTAC CCTCCCCGG TGCCAGGGCG CCTGTTGGGT1800
TTGGTCTCTG GTAGATGATT CCCAGAGTCT CATTATCCCA GCTCCTCTTC AGACAGAAGG1860
TCCCCATGGT CAGACAGCTG GTCTGCATTG CTGGTACTGG TTGCATCATC CTCATCCTCA1920
GAGCTGGCTT CACAGGCAGT GTGGAAGAGC TGCATGAGTT CTCGAAAACG GTGGGAAACC1980
25 TCAGCAGGGG TCTTATTTCC CAGCTGCTGG GAGATGATGT TGAAGGTCTG TGGCTGTGCC2040
CCTTGCTCCT GGCACATGGT GAGGATCACA CGGTCAGCTT CCCTTGTTCCA CAGGACAACC2100
TTTTCCCCAG TGGAGCTGAC CTTGCTGTTG TTGGCACACA CCGTAGCTTC TGCGGCCCTT2160
GGCTGCTGCT CCCCCTCTGG ACCCTTGCCG TGTGTTCCAC TGTCTTTAGC CAAACCCCT2220
CTAGGGGGCT TGGGAGAAGT CTCTGAGGTG TCAATTCCCTG ATGGAGATTG ATGGACAGGG2280
30 CACGTCTCTG CTCTTGTCTT CACCCTAGCT CTGCTTGAGG GCAGCCATCT CTCTTGAGTG2340
TCTGGTTTCC CGGACACATG TCTTCTCCCT GCATCTCTGG TCTTTGAGGA AACAGGACTC2400
AGGAAGGAAG CAGGGGGTTC CACGGTACCA GGCAATTTCT CAGTTTCTGA TGCATCCCAG2460
ACCAGCATCA AAGCCTCTGA CTCACTCACT GCCTTTTGGC CCTCCCTCTC TTTCTGAAGT2520
TGGGGGGATG CCTTGGGGCA GGAGCGAACC TCAGGCCCAA CCTGGTTTCT CTTAACAGTG2580
35 TACAGTACAG CTCCAGTTGT GGGGGGAAAT TGAGGAGTCT CTGGTGAATG AGGTGGTGGG2640
CCATCCAGGA GGAGCCGTTC TGTA 2664

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 538:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3888 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 538

```

5  GAATTCCTCCG CCGGACTGAC GGAGCCCACT GCGGTGCGGG CGTTGGCGCG GGCACGGAGG 60
   ACCCGGGCAG GCAGCGCAAG CGACCCCGAG CGGAGCCCCG GAGCCATGGC CCTGAGCGAG 120
   CTGGCGCTGG TCCGCTGGCT GCAGGAGAGC CGCGCTCGC GGAAGCTCAT CCTGTTCATC 180
   GTGTTCTCTG CGCTGCTGCT GGACAACATG CTGCTCACTG TCGTGGTCCC CATCATCCCA 240
   AGTTATCTGT ACAGCATTAA GCATGAGAAG AATGCTACAG AAATCCAGAC GGCCAGGCCA 300
   GTGCACACTG CCTCCATCTC AGACAGCTTC CAGAGCATCT TCTCTATTA TGATAACTCG 360
10  ACTATGGTCA CCGGGAATGC TACCAGAGAC CTGACACTTC ATCAGACCGC CACACAGCAC 420
   ATGGTGACCA ACGCGTCCGC TGTTCCTTCC GACTGTCCCA GTGAAGACAA AGACCTCCTG 480
   AATGAAAACG TGCAAGTTGG TCTGTTGTTT GCCTCGAAAG CCACCGTCCA GCTCATCACC 540
   AACCCTTTCA TAGGACTACT GACCAACAGA ATTGGCTATC CAATTCCCAT ATTTGCGGGA 600
   TTCTGCATCA TGTTTGTCTC AACAATTATG TTTGCCTTCT CCAGCAGCTA TGCCTTCCTG 660
15  CTGATTGCCA GGTCGCTGCA GGCATCGGC TCGTCCTGCT CCTCTGTGGC TGGGATGGGC 720
   ATGCTTGCCA GTGTCTACAC AGATGATGAA GAGAGAGGCA ACGTCATGGG AATCGCCTTG 780
   GGAGGCGCTG CCATGGGGGT CTTAGTGGGC CCCCCTTCG GGAGTGTGCT CTATGAGTTT 840
   GTGGGGAAGA CGGCTCCGTT CCTGGTGCTG GCCGCCCTGG TACTCTTGA TGGAGCTATT 900
   CAGCTCTTTG TGCTCCAGCC GTCCCGGGTG CAGCCAGAGA GTCAGAAGGG GACACCCCTA 960
20  ACCACGCTGC TGAAGGACCC GTACATCCTC ATTGCTGCAG GCTCCATCTC CTTTGCAAAC1020
   ATGGGCATCG CCATGCTGGA GCCAGCCCTG CCCATCTGGA TGATGGAGAC CATGTGTTCC1080
   CGAAAGTGGC AGCTGGGCGT TGCCTTCTTG CCAGCTAGTA TCTCTTATCT CATTGGAACC1140
   AATATTTTTG GGATACTTGC ACACAAAATG GGGAGGTGGC TTTGTGCTCT TCTGGGAATG1200
   ATAATTGTTG GAGTCAGCAT TTTATGTATT CATTTCCTCA AAAACATTTA TGGACTCATA1260
25  GCTCCGAAC TGGGAGTTGG TTTTGCAAAT GGAATGGTGG ATTCTGCAAT GATGCCTATC1320
   ATGGGCTACC TCGTAGACCT GCGGCACGTG TCCGTCTATG GGAGTGTGTA CGCCATTGCG1380
   GATGTGGCAT TTTGTATGGG GTATGCTATA GGTCTTCTG CTGGTGGTGC TATTGCAAAG1440
   GCAATTGGAT TTCCATGGCT CATGACAATT ATTGGGATAA TTGATATTCT TTTTGCCCCT1500
   CTCTGCTTTT TTCTTCGAAG TCCACCTGCC AAAGAAGAAA AAATGGCTAT TCTCATGGAT1560
30  CACAACCTGC CTATTAATAA AAAATGTAC ACTCAGAATA ATATCCAGTC ATATCCGATA1620
   GGTGAAGATG AAGAATCTGA AAGTGACTGA GATGAGATCC TCAAAAATCA TCAAAGTGT1680
   TAATTGTATA AAACAGTGTT TCCAGTGACA CAACTCATCC AGAACTGTCT TAGTCCTATC1740
   ATCCATCCCT GGTGAAAAGAG TAAAACCAA GGTATTATT TCTTTTCCAT GGTATGGTC1800
   GATTGCCAAC AGCCTTATAA AGAAAAAGAA GCTTTTCTAG GGGTTTGTAT AAATAGTGT1860
35  GAACTTTTAT TTTATGTATT TCATTTTATT AAATATCATA CAATATATTT TGATGAAATA1920
   GGTATTGTGT AAATCTATAA ATACTTGAAT CCAAACCAA TATAATTTTT TAACTTACAT1980
   TAACAAACAT TTGGGCAAAA ATCATATTGG TAATGAGTGT TTAATAATTAA AGCACACATT2040
   ATCTCTGAGA CTCTTCCAAC AAAGAGAAAC TAGAATGAAG TCTGAAAAAC AGAATCAAGT2100
   AAGACAGCAT GTTATATAGT GACACTGAAT GTTATTTAAC TTGTAGTTAC TATCAATATA2160
40  TTTATGCGTT AAACAGCTAG TTCTCTCAAG TGTAAGAGGAC AAGAACTTGT GTCAGTTATC2220
   TTTTGAATCC ATAAATCTTA GCTGGCATTG GTTTTCTATG TAATCACCTA CCTAGAGAGA2280
   GTTGTAATTT ATATGTAAAC ATGTTATCTG GTTGGCAGCA AACACTAAAG CCAATAAAGG2340
   AAAACAGATA AATGTCCGA AAGCAGAGAA AAGCAACCAA ACATATTGTT ATGAACTAAA2400
   AGCTTTCCCT TTAAGATGCA TACTTGCTCT ACTGGATGAA GAAAATTGAG GGTACATGTA2460
45  CCTTATACTG TCAAGGTTGT TTAACATGTA TAAGGTTAAT CGCCATCTAC TTCAAGTTTT2520
   AGAAAAGGAA ACAAGAAGCT AAAAACAGCT GCTCTGACTT TAATATCTGA CTATATCTTT2580
   GATCTGTTTG CAGGTCATCC AAGTGTTTTC TAGGAATATA TTTATTTTGT GTTGCTGAA2640
   ACTACTATTT TTTAGACTCC TGAAAGTTGT TCACATCAAT GTGAAGACAA ATTTTAAATG2700
   AAAATGAAGA ATGAAATTAT GTCTTGAATC ATATATTAAG AAGTAAAAAT AATAGTGATC2760
50  AGGCAGAAAA GAAAAATGGA ACATCTAAAA ATGTATGTGC TAACTATATC ATCCAGTGTG2820
   CAGTGTGTGT TATTTTCTTA AGCATGACAA CATTGATGTG CCTTTTCAGT GTAACAGCAA2880
   ATACTGTTAG TGAACATTGT CAATTTATGT CATTTTGTTA AGAGATATGA CTGGAGTGTG2940
   CAGTGTGGAA TGTCTCTAAT ACTACTTGAG AATCCTGCAG TTCTATAATC ATAAACAAA3000
   ATTACTTAGT TTCGTTAAGC TAAGATTGTG TTTGTGTTAA CTTGACATC AAGGAGCAA3060
55  GAACTTTAGA ACAGACTCCT CAATCTTGTG ACTTTCTTAT TCTCTAGGAA AGTAACACTT3120
   CGTTTCATGA AGCTTTTCTG TGGGGCTTCG ATTATTTCAA GTCTGGTTTC TAAGTGCAGT3180
   GTGTTTGAAG CAAACGAACT TCCAACCTAC TTATTTGGCA TTGGGCAACT TGGCCAAGTC3240
   TGCTACTTTG GAAGATGGCT CTGGAGGAAA CTCTCATATG GCTAAAAAGG CAGGCTAGTT3300
   TCTTACTTCT ACAGGGGTAG AGCCTTAAAA AAGAACGTGC TACAAATTGG TTCTCTTTGA3360
60  GGGTTTCTGG TTCTCCCTGC CCCCAATACC ATATACTTTA TTGCAATTTT ATTTTGCCTT3420
   TTACGGCTCT GTGTCTTTCT GCAAGAAGGC CTGGCAAAGG TATGCCCTGT GTTGGTCCCT3480
   CGGGATAAGA TAAAATATAA ATAAAACCTT CAGAACTGTT TTGGAGCAAA AGATAGCTTG3540

```

TACTTGGGGA AAAAAATTCT AAGTTCTTTT ATATGACTAA TATTCTTGGT TAGCAAGACT3600
 GGAAAGAGGT GTTTTTTTTAA AATGTACATA CCAGAACAAA GAACATACAG CTCTCTGAAC3660
 ATTTATTTT TGAACAGAGG TGGTTTTTAT GTTGGACCT GGTAATACAG ATACAAAAC3720
 TTTAATGAGG TAGCAATGAA TATTCAACTG TTTGACTGCT AAGTGTATCT GTCCATATTT3780
 5 TAGCAAGTTT ACTTAATAAA TCTTCTGAAC CATGTTTTGT GCCTGTTTGT ATTCCTTTAT3840
 AAACCAAATG TTGTTGGAAT AAAATACATA AGGTATCATT TTGACCGT 3888

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 539:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3304 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 539

AAACCCTCTT GGCTGTCTGC TGTCCAGGGA GTCGCCACTC CCTTCATTAT AGCCTTGCTC 60
 AGAGTGCAGC GGCAGGCCTG GGGATGGCCT CGGGAGAGGG ACCACAGAGC ACCAGCCTGC 120
 ATGGAAC TTCCTCACT CAGCTTCCCA CGTTGCCAGC TGGGACAGGG GAGATGGAGT 180
 35 AATTTTGCTG TGGAAAGACT TCACGTCTTG CCGAATGAAA GTCCCGCCTG TCTGTCACGC 240
 TGATGCCCCG GCAGCTGTCT GAGCACCCGG AATGGAATGA GTCTATGCAC TCCCTCCGGA 300
 TCACTGTGGG GGGCCTTCCT GTGCTGGCGT CCATGACCAA GGCCGCGGAC CCCCCTTCC 360
 GCCCCCGCTG GAAGGTGATC CTGACGTTCT TTGTGGGTGC TGCCATCCTC TGGCTGCTCT 420
 GCTCCACCG CCCGGCCCCC GGCAGGCCCC CCACCCACAA TGCACACAAC TGGAGGCTCG 480
 40 GCCAGGCGCC CGCCAAC TACAATGACA CCTACCCCT GTCTCCCCCA CAAAGGACAC 540
 CGGCTGGGAT TCGGTATCGA ATCGCAGTTA TCGCAGACCT GGACACAGAG CCAACCGCCC 600
 AAGACGAAAA CACCTGGCGC AGCGACCTGA AAAAGGGCTA CCTGACCCCTG TCAGACAGTG 660
 GGGACAAGGT GGCCGTGGAA TGGGACAAAG ACCATGGGGT CCTGGAGTCC CACCTGGCGG 720
 AGAAGGGGAG AGGCATGGAG CTATCCGACC TGATTGTTTT CAATGGGAAA CTCTACTCCG 780
 45 TGGATGACCG GACGGGGGTC GTCTACCAGA TCGAAGGCAG CAAAGCCGTG CCCTGGGTGA 840
 TTCTGTCCGA CGGCGACGGC ACCGTGGAGA AAGGCTTCAA GGCCGAATGG CTGGCAGTGA 900
 AGGACGAGCG TCTGTACGTG GGCAGCCTGG GCAAGGAGTG GACGACCACT ACGGGTGATG 960
 TGGTGAACGA GAACCCGGAG TGGGTGAAGG TGGTGGGCTA CAAGGGCAGC GTGGACCACG1020
 AGAACTGGGT GTCCAAC TACGCGCTGC GGGCTGCTGC CGGCATCCAG CCGCCAGCTA1080
 50 ACCTCATCCA TGAGTCTGCC TGCTGGAGTG ACACGCTGCA GCGCTGGTTC TTCCTGCCGC1140
 GCCGCGCCAG CCAGGAGCGC TACAGCGAGA AGGACGACGA GCGCAAGGGC GCCAACCTGC1200
 TGCTGAGCGC CTCCTGAGC TTCCGCGACA TCGCTGTGAG CCACGTCGGG GCGGTGGTCC1260
 CCACTCACGG CTCTCGTCC TTCAAGTTCA TCCCCAACAC CGACGACCCAG ATCATTGTGG1320
 CCCTCAAATC CGAGGAGGAC AGCGGCAGAG TCGCCTCCTA CATCATGGCC TTCACGCTGG1380
 55 ACGGGCGCTT CCTGTTGCCG GAGACCAAGA TCGGAAGCGT GAAATACGAA GGCATCGAGT1440
 TCATTTAACT CAAAACGGAA AACTGAGCA AGGCCATCAG GACTCAGCTT TTATAAAAAC1500
 AAGAGGAGTG CACTTTTGTT TTGTTTTGTT CTTTTTGGAA CTGTGCCTGG GTTGGAGGTC1560
 TGGACAGGGA GCCCAGTCCC GGGCCCCATA GTGGTGCGGG CACTGGACCC CCGGGCCCCA1620

CGGAGGCCGC GGTCTGAACT GCTTTCCATG CTGCCATCTG GTGGTGATTT CGGTCACTTC1680
AGGCATTGAC TCAAGGCCTG CCTAACTGGC TGGGTCGTTT CTTCCATCCG ACCTCGTTTC1740
TTTTCTTTCC TATGTTCTTT TGTTTCAGTGA ATATCCCTAG AGTCCTACC ATATGTCAGG1800
CCCTATGCCT CACCCTGAGA ACGCAGTGAG CATGAGGTGG ACCTGTTTGC TGGGAACCCC1860
5 AGGTCACCCC CTTTTCTTCC CAAACTTGGT GCCTTGGAAG AATCAGGTCC AGCCCTGAAG1920
ATCCTTGGGG AAGAAAATGT TTATGTTGCA GGGTATTGCA TGGTCACGAG TGAGGGGCAG1980
GCCCCTGGGG GACACATCTG CCCACAGCTG CACAGGCCAG GGGCACAGGC ACATCTGTTG2040
GTTCTCAGGC CTCAGATAAA ACCATCTCCG CATCATATGG CCAGTGACCG CTTTCTCCCT2100
TCAAGAAAAT TCTGTGGCTG TGCAGTACTT TGAAGTTTTA ATTATTAACC TGCTTTAATT2160
10 AAAGCAGTTT CTTTTCTTAT AAAGTGGAAT CACCAAATCT TATCACACAG AGCACAGTCC2220
TGATGTTACC CAGCCCGCTC CAGCAGTGCG GGAGATTGTA AGGAAGCGGT GGGCGCTGGT2280
GAAGCAAGTC TCACATGTCG GCGTTCCTGG CCAATGGATA CAAAGATAAA GAAAATGTTG2340
CCTTTTTCTA GGAAGTGTCA GAAATCCTCA TGCCTTTCAA GACTTCTGTG AATGACTTGA2400
ATTTTTTATT CCCTGCCCTAG GGTCTGTGAA CGAGGCCCTGT CTCTTCCCTG GGGTTTCTTT2460
15 CCATGGCCTT TATTTCTCCT CTTCAGTGG GAGTTTTGCA GGCTCTTCTC TGTGGAACT2520
TCACGAGCGT TGGCTGGGCC TCGGCTTCGC TGGAGTGAC TCCAGGGTGA AGGCAGAGTG2580
GGATTTGAGA CCCAGGTTAG GCACGACCCA GGCTGAGAAG GGACGTTTCC ATCATTCACA2640
GTGCCCTCCC CACAGCAACT ACCTCACCCC GACCCCCACC CTCACTCCTA CCCCACCCCG2700
CGATCGTCAG GGGTGCCACG GTGGGCCCGA GGGTGCCGGC TCTGGCTGTC CCTGTGCCGG2760
20 TCCCTCACAA ACCTCTCCCC CTTTGAACT CAAGCACAGC TGCGAGGAGG GCAGCGAGGA2820
GGGACCCCTC TCTCATGGTT GTCTCTTTCC CCCGCTATGT CATAGGTAGT GGAGGAAGCG2880
AAGGAAGTGA ACGCTGAATG TGACGCATTT CTGAAGAGCT CAGCTGTCAC CGGGCATAGC2940
CTGGAAGCCC CAAGTCTGTT CTGACTTTGC CTGGCTGTCT CCTTGACCCG CCTCCTAGAT3000
CATTGTCCTT GATGTCCAGG CTGGGTCATT TAAAATAGAG ATGCAATCAG GAAGGTTGGG3060
25 GGACTTGGGA CTGTGGCTGA ATTGAGACCT TGCTGATGTA TTCATGTCAG CACCTGAGTC3120
ACAGCCCAGG TGCCCGGAAG CAGCCTCTTC GCATAGGCAG TGATTTGCGA TTACTTTAAA3180
GCTCACCTTT TTTCTTCCCC TCTCTGTTTC CTGCTGTCAG CATAATGATT GTGTTTCCTTC3240
CCTATGGGAT CCATCTGTTT TGTAACAAT AAAGCGTCTG AGGGAGTGTA AAAACAGAT3300
GGAT 3304

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 540:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 863 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 540

55 CAGGATTGAA ACAAGATGGC GGGTTCGTGG TGAGAAGCCG TCAAGGAGTA GAAATTGGTA 60
TGCTTAGAAG CAGATTCTAA AAGCAGTTTC TCTTCAGAAC ATCTTTTTTC ATACCACTTG120
ATAAGCATCT TGAAACACCA TGGCTGTAGC TGCAATAAAA TGGGTGATGT CAAAGAGAAC180
TATCTTGAAA CATTTATTTT CAGTCCAAAA TGGAGCTTTA TATTGTGTTT GTCATAAATC240

TACGTATTCT CCTCTACCAG ATGACTATAA TTGCAACGTA GAGCTTGCTC TGACTTCTGA300
 TGGCAGGACA ATAGTATGCT ACCACCCTTC TGTGGACATT CCATATGAAC ACACAAAACC360
 TATCCCTCGG CCAGATCCTG TGCATAATAA TGAAGAAACA CATGATCAAG TGCTGAAAAC420
 CAGATTGGAA GAAAAAGTTG AACACCTTGA GGAAGGACCT ATGATAGAAC AACTTAGCAA480
 5 AATGTTCTTT ACTACTAAGC ACCGTTGGTA TCCTCATGGA CGGTATCACA GATGTCGTAA540
 GAATCTGAAT CCTCCAAAAG ACAGATGATG CGGAGGTTCC TGGGGGAATC AAAGAGAAAT600
 GTGCCTCATT TGCCATTTGA GAAAATGCAG TCTGGTGTAT TCAGTAATAT ATAGTAAAGT660
 AATAATGATA AAATATCTTT TCATATATTA GAATGTGTAC TTTTATATAA AGTAATTCTG720
 GATTTGACAT TCTCATTTAG AGAGACCTAT TCCTTTTTTC GTTTTCTATT TTAGTGTTTC780
 10 ATTTATGTGC GGTCTCCAAT TTAGGACTTT TCCATAGTGC CAAAGCCATA CATATTCAGT840
 AGAACATCAA TAAAAA AAA 863

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 541:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1962 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 541

ACCGACGGCC GCCCCTTTTC GTCTTTTTTT TTTTACATT TCAAATATAT TTTATTACTT 60
 TCCATCTTAG AAAGAATATG AAACCTGCAT GCAATGCTAA TGGTTTCTGA CATGTACATA 120
 GCATATAACA CAGCAGTACA ATGCGGCATA TACTGGGGGG CAGTGTGTGG AGGGGGCGTT 180
 40 CTTAAGGGTA TATGTACAGA GGAAAGGGCG CATGGTCATC TTAGCTTTTCG AAAGAGGACT 240
 GCACTGTTTA ACATTGAAGA ATTACATGGG GAATCACAAA TATATTGCTT TAGTACTGCA 300
 TGTTCTGTTG TGGTGAGGGA AAGAAACATG CTTTGAAGGT TTTCCCTTGT CAACAGAATG 360
 TGTGTCTGTA GCTGTGTATT GCGCATGTAT TCATATATTT TTAAGTTTTT TCCTAAGGTT 420
 TTTGCTGACA GTGTTGGGAA CCTCACATGC TTCTGAAGCA TTAAATATTG AACCTGTGAA 480
 45 CCTTTCAGAA ATCCTCAGGT TGGGAAAGAC CCCACACCTT CTTTAAGGAT CATTGTGCTC 540
 GCCATCACAG GATCTTGGAA ATGTTTCCTA GGGTGTGTAA AAATTAACCA GGGGGGAATG 600
 AAGCACATTT TTCTGGCAAC CAACTTGAG TTCCTCAGAG AACAGATGCA GAGAGACCTG 660
 CTCCTGCTTG CCCGGCTACA GGGGCCACTG TGGAGTCACA CTGAGGCTGT GACCGGCCAT 720
 AAGCCCAGGA GAGCCGTGG CAGCTGTGCC GAGGCGCCAG GACCTCTAAG CGGAAGCTTC 780
 50 CCAAGCTAGG AATGGAGCAA CACTGCAATG AAATGTGTCC ACCAAGCTCA TTGTTCCCTC 840
 CGGGCGCTTA TAAAGCTCAG ATGTATAGTG ACGTATGGAC AAATACAAA AAAAAA 900
 AAAAAA AAAAAAGCC TTTCTTTCTC ACAGGCATAA GACACAAAT ATATTGTGTT 960
 ATGAAGCACT TTTTACCAAC GGTACGTTT TACATTTTAT AGCTGCGTGC GAAAGGCTTC1020
 CAGATGGGAG ACCCATCTCT CTTGTGCTCC AGACTTCATC ACAGGCTGCT TTTTATCAAA1080
 55 AAGGGGAAAA CTCATGCCTT TCCTTTTTTAA AAAATGCTTT TTTGTATTG TCCATACGTC1140
 ACTATACATC TGAGCTTTAT AAGCGCCCGG GAGGAACAAT GAGCTTGGTG GACACATTTTC1200
 ATTGCAGTGT TGCTCCATTC CTAGCTTGGG AAGCTTCCGC TTAGAGGTCC TGCGCGCTCG1260
 GCACAGCTGC CACGGGCTCT CCTGGGCTTA TGGCCGGTCA CAGCCTCAGT GTGACTCCAC1320

```

AGTGGCCCCT GTAGCCGGGC AAGCAGGAGC AGGTCTCTCT GCATCTGTTC TCTGAGGAAC1380
TCAAGTTTGG TTGCCAGAAA AATGTGCTTC ATTCCCCCCT GGTTAATTTT TACACACCCT1440
AGGAAACATT TCCAAGATCC TGTGATGGCG AGACAAATGA TCCTTAAAGA AGGTGTGGGG1500
TCTTTCCCAA CCTGAGGATT TCTGAAAGGT TCACAGGTTC AATATTTAAT GCTTCAGAAG1560
5 CATGTGAGGT TCCCAACACT GTCAGCAAAA ACCTTAGGAG AAAACTTAAA AATATATGAA1620
TACATGCGCA ATACACAGCT ACAGACACAC ATTCTGTTGA CAAGGGAAAA CCTTCAAAGC1680
ATGTTTCTTT CCTCACCAC AACAGAACAT GCAGTACTAA AGCAATATAT TTGTGATTCC1740
CCATGTAATT CTCAATGTT AAACAGTGCA GTCCTCTTTC GAAAGCTAAG ATGACCATGC1800
GCCCTTTCCT CTGTACATAT ACCCTTAAGA ACGCCCCCTC CACACACTGC CCCCCAGTAG1860
10 TACGCAGGCA TTGGTACCGG CTGGTGTAA AATGGCTATG GGACATGGTC AGGAAACCAT1920
TTAGGCATTG GCATTGAGGG TTCCATAATC CGTTTCTAAG GA 1962

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 542:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1772 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 542

```

TGGGCGCTGT AGTCCGGCCG GAACCTGTTT GCGACCCCGA GTCCCATGAC ACCGCTTCTC 60
CTCACACCCC AGTCCGCAGT GCCCCTCCCC AGCCTCGGCC GGGCCTCCCG GGAGCCGGGC 120
GTGGCGTTCC AGCTAGTGAG CCGTTTCTCC CCTGGGCTCG GAGGCGGAAG CTTGAGGGGC 180
40 GCGGGGAGGA GCTTCGCGTG CGGGGTGAAC GCCCGCTCTA CGTGCTCGTT CTCTTCGCGA 240
CCGCTGCGCG CGAGCCCCGT GTCCCCACGG CGGCAGCAG CGCCGCGCGC GCGCGGTGAA 300
CGCGGAGGGG GCGGAGGGAG CCCGCGGCGG CGGCAGCAGC TACAGCGAAA TGGCGGAGAC 360
CGTGGCTGAC ACCCGGCGGC TGATCACCAA GCCGCAGAAC CTGAATGACG CCTACGGACC 420
CCCCAGCAAC TTCCTCGAGA TCGATGTGAG CAACCCGCAA ACGGTGGGGG TCGGCCGGGG 480
45 CCGCTTCACC ACTTACGAAA TCAGGGTCAA GACAAATCTT CCTATTTTCA AGCTGAAAGA 540
ATCTACTGTT AGAAGAAGAT ACAGTGAATT TGAATGGCTG CGAAGTGAAT TAGAAAGAGA 600
GAGCAAGGTC GTAGTTCCCC CGTCCCTGG GAAAGCGTTT TTGCGTCAGT TCCTTTTAGA 660
GGAGATGATG GAATATTTGA TGACAATTTT ATTGAGGAAA GAAAACAAGG GCTGGAGCAG 720
TTTATAAACA AGGTCGCTGG TCATCCTCTG GCACAGAACG AACGTTGTCT TCACATGTTT 780
50 TTACAAGATG AAATAATAGA TAAAGCTAT ACTCCATCTA AAATAAGACA TGCCTGAAAT 840
TTGGCAAGAA GGGGCAAAAA CGTGAATATT AATGATTGAT AAGCACCAGT GAAGAAGTTC 900
TAACCTTTAG CATGCTGCAC AGAACTGGT ATAACATGCC TTCAGTATAC TAACACTCAT 960
ATGCTCAGTT TTGTTTGTGTT TTGGCAGTTG ACAAGAAGTT AATTTGCTTT AGTAAAAATC1020
CCTCATTCCA GCCTTTCTAT ATAAATAGCT CTTTCTTGCT GTTTTAATGT GGTGCACACT1080
55 ATAGCCTCAC AAACCTGTTA TTCCAGTGTA ATCTGCAGTG TCGTAACTAA AGTTACTGGC1140
TTGGTCTTAT TTGCACAGTT TTTGCGTCTT GTTTGCTTCT TGCATCTGAT TAACTAGAAT1200
ATTTCTCTTT CCCCCTTTTA ATTTGTGATG TCACTTGACC CCATTTATGT GTAGGAGCAC1260
TACACCATTG GTTTCCAATA CTGCACACAT AAGATACATA CTTGTGTGCA GAAAGTATCT1320

```

TCCTCCAGGC TTGTAATACC CTTACATGG AAGATTAATG AGGGAAATCT TTATATTCTG1380
 TATAAAACA AAAGCAAATT TATATACTAA AATCATTTGT CTAATAATTT AAGTTGTTTT1440
 CAAATAAAAA TTAATAATGCA TTTCTGATAT GCACTGATTG TGTTGCCTCC AGCTTTTTTT1500
 5 GCTCTCTATG AGTGACTACT TAAGTCACTT GTTGAGAGGG ATTATTTACT AATTATATAC1560
 TTCTCATTC TGTAACTCCA TTCCCTTTAA ACAGTGGTGA TATCAAATAT ACTTCCATCC1620
 ATTGAATGGG GTATTTTAA CAACAACAAA AGTGATATAC TAAAAAATGT ATTGCTTAAG1680
 GCTTATTGAA TCATTTTGAA GCACTTTGTG TATTTGAAA CTGCTTTATA ATCTCATTTA1740
 TTAAGAGGAC TTCAAGAT AAAACCAAAA AA 1772

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 543:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 1009 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 543

CTCGTGCGGT GATGTTGAGC AGAAGATACA ATTCAAAGA GAAACAGCCA GTTTGAAACT 60
 35 GTTACCCAC CAGCCCGAA TTGTGGAGAT GAAGAAAGGA AGCAATGGCT ATGGTTTCTA 120
 TCTGAGGGCA GGCTCAGAAC AGAAAGGTCA AATCATCAAG GACATAGATT CTGGAAGTCC 180
 AGCAGAGGAG GCTGGCTTGA AGAACAATGA TCTGGTAGTT GCTGTCAACG GCGAGTCTGT 240
 GGAAACCCCTG GATCATGACA GTGTGGTAGA AATGATTAGA AAGGGTGGAG ATCAGACTTC 300
 ACTGTTGGTG GTAGACAAAG AGACGGACAA CATGTACAGA CTGGCTCATT TTTCTCCATT 360
 40 TCTCTACTAT CAAAGTCAAG AACTGCCCAA TGGCTCTGTC AAGGAGGCTC CAGCTCCTAC 420
 TCCCACTTCT CTGGAAGTCT CAAGTCCACC AGATACTACA GAGGAAGTAG ATCATAAGCC 480
 TAAACTCTGC AGGCTGGCTA AAGGTGAAAA TGGCTATGGC TTTCACTTAA ATGCGATTCC 540
 GGGTCTGCCA GGCTCATTCA TCAAAGAGGT ACAGAAGGGC GGTCTGCTG ACTTGGCTGG 600
 GCTAGAGGAT GAGGATGTCA TCATTGAAGT GAATGGGGTG AATGTGCTAG ATGAACCTA 660
 45 TGAGAAGGTG GTGGATAGAA TCCAGAGCAG TGGGAAGAAT GTCACACTTC TAGTCTGTGG 720
 AAAGAAGGCC TATGATTATT TCCAAGCTAA GAAATCCCT ATTGTTCCCT CCCTGGCTGA 780
 TGCCAGTTGA CAGCCCTGCA GGTCTAAAG AAGGAATAGT GGTGGAGTCA AACCATGACT 840
 CGCACATGGC AAAAGAACGG GCGGCTATTG CAGACGCTA ATTTATGCTT AACTTAGGAA 900
 GAGATAAGGT TCCTTGAGCA CCAAAGATGA TTCATAACTC TGTATAGGTG ACAGCTGCTT 960
 50 ATAAAAGCAT CTTAGCAGAT AAGCCTATTA AATTGTGCT TTTGTAACA 1009

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 544:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 55 (A) LÄNGE: 2834 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus inz Inen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 544

20 CACTTTGCGG GCGGCACTTT TTCCAGGTTG TTAATCCAGC TAATGGAGAA GGATAGATGC 60
ACGCTACTTG GTTTAGAAAA AAAAACAAAA ATGAGCAAAC GAGACGCCCC TTCCGTTTTA 120
TGATAACTAA GCTGCAGGGA AATAAATCGG CTGGCCCTAC TGCAATCTAC TGCACTCGAG 180
AAACATCACA GAAAATTCTT TGATTTATCT TAATAGTGAC AAGTGAGCCT GCTTCTGTCA 240
ATTACTGAAG CTATAAGGAG ATTTTTTAAA AATTAACTT CAACACAATG AGGTGTTGCC 300
25 ACATCTGCAA ACTTCCTGGG AGAGTAATGG GGATTCGAGT GCTTCGATTA TCTTTGGTGG 360
TCATCCTCGT ATTATTACTG GTAGCTGGTG CTTTGACTGC CTTACTTCCC AGTGTTAAAG 420
AAGACAAGAT GCTCATGTTG CGTAGGGAAA TAAAATCCCA GGGCAAGTCC ACCATGGACT 480
CCTTTACTCT CATAATGCAG ACGTACAACA GAACAGATCT CTTATTGAAA CTTTTAAATC 540
ATTATCAGGC TGTACCAAT CTGCACAAAG TGATTGTGGT ATGGAACAAAT ATTGGAGAGA 600
30 AGGCACCAGA TGAGTTATGG AATTCTCTAG GGCCCCACCC TATCCCTGTG ATCTTCAAAC 660
AACAGACAGC AACAGGATG AGAAATCGAC TCCAGGTCTT TCCTGAAC TGAAACCAATG 720
CAGTGTGTGAT GGTAGATGAT GACACACTCA TACGACCCCC AGACCTTGTT TTTGCTTTCT 780
CAGTTTGGCA GCAATTTCTT GATCAAATTG TAGGATTGTG TCCTAGAAAAG CACGTCTCTA 840
CTTCATCAGG TATCTACAGT TATGGAAGTT TTGAAATGCA AGCACCAGGG TCTGGAAATG 900
35 GTGACCAGTA CTCTATGGTG CTGATTGGAG CCTCATCTT CAATAGCAAA TATCTTGAAT 960
TATTTTCAGAG GCAACCTGCA GCTGTCCATG CTTTGATAGA TGATACTCAA AACTGTGATG1020
ATATTGCCAT GAATTTTATC ATTGCCAAGC ATATTGGCAA GACTTCAGGG ATATTTGTGA1080
AGCCTGTAAA CATGGACAAT TTGGAAAAAG AAACCAACAG TGGCTATTCT GGAATGTGGC1140
ATCGAGCTGA GCACGCTCTG CAGAGGTCTT ATTGTATAAA TAAGCTTGTT AATATCTATG1200
40 ATAGCATGCC CTTAAGATAC TCCAACATTA TGATTTCCTA GTTTGGTTTT CCATATGCCA1260
ACTACAAAAG AAAAATATAA AAGTAAAACA AACAAAAACA AACCTGAAAA CTGCTTGGCA1320
TTTGAGTAGC TTCTCCATGC TATGTATTTT TTTAAGCAAC ATCATGAATT TTATCTACTC1380
CAGAAGTCTC TACAATAGAA AAAAAAGTGC AGTGCTTCTA GGATATAAAA TTCACATTAC1440
TTTTGAAAGC CAAGAAGTTG GTCTTATCCA GTTAGGTCTT CTTATGAAGA GTTTTCATCC1500
45 AGGGATATAA CTCCTTGGTC AGTGATTTTA TTGTTTACAT CCTGAGACTG TTCTACAGTT1560
TCTTTGACTC CTGGCATTTC CTTAAGGAC CTATAGCAAG CTGTTTCTAG GATCAGAAAC1620
TCAAGAGAGG CATTTCTCTG CTTTTTCACT AAAGGTCAGT TGTTTTAATT TGAAACCTGA1680
AATGCCTCTT TAGCAAAAGC CTGTGGTATG GGGTAAAGCC ATGTAAGAAG AGAATAGTCT1740
CAGTCACATA TGAAGAGGAA AATTTGCAGC TGCCAGTGCT TTCCTTGTGG CCCTGCCAAC1800
50 CAGCTCTTCC AGGACGAACT CAGTCCAGCA TGGTTTTGAT GTAACCATCC ATGCTTTTAT1860
TTTTGTAAAG TCTTTTGTGA CTGGGACAGT TAATTTTAGT AGCTGAAGAA CGCTAGTTG1920
TTTGCTTGAT ATTTGTGAAC ATTTACTGCA TGGATCACAA AACAATATAC CCTGTATTT1980
TTACACGCCA CTTATATGCA GCAAGGAGTA AATGTGTTAC TAGATTCCGG TAGTGATTT2040
TGTCACAGAA TCTGACCTTG AGAATGTACA TTAATCTTA TATTTTACAT AATGTATGTG2100
55 TTGTTTAAAG AATGTATAAA AAACCTGAAA AAAATGAGTA AGAACTGGCA GAAGTTAAAA2160
CCCTTTGTAT CAAAAGATCT TTATTGGTAG AGCACTGGTT ATCTTCTGGA TACTAAAAAG2220
TTGTATTACA AAGCCAAACA CTTGCATTCA CAACTTTAAA AAAAGATCCA AGGAACATT2280
CATAATGATG AAATTCCAAC TACATACAAG GAGGAGAAAA TAAGAACCCA GTCATAACAG2340
AGGAATTCTA TAGGAGTCTG CATCAATTCA TTCTTAAGGT TGCCTACTCT CTGTATGTG2400

AATTAGCGTC TGTGTTTCAC CCATTGTCTG TGTTCAGTCC TTGTTACCA CTAAGGCAAG2460
GAATTCTTAA CTAGGCCTCT GTTTACCAAC TTCTCTTTCT CCTCCTTTCC CTCTTATTCC2520
TCCTTCTCCT CTTCCTTCTT ATATAATGCT AGTATATTCT CAAAATTGCA AAGCTGTGAG2580
AATATTAAAA TAATCATGGC TAATGTTCCA ATAATGAGGT CTTTGTGCAT TTAGTTCGCG2640
5 ATATGATGGT TTTTTTTT CATTAAAGAG TATATGTGTC TTAATGCAGT CAGATTGTAA2700
AAAAACAAAA CAAAGAACT AAGAATCTTA CTAATAATCG ATAATGTCAG TTATCTGTTT2760
TGTCCAATAT TGGTAGTACT TTTTGCCTC TTATGATTCC TCTAGCAGAT AAATAAAGA2820
AACTTTTGCC ATCC 2834

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 545:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2319 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 545

AACGTCATTG GTAACAGCAA GTCCCAGACA CCAGCCCCCA GTTCCGAAGT GGTTTTGGAT 60
35 TCAAAGAGAG AAGTTGAGAG AGAGGAAACC AACCATGAGA TCCAGGAGGG GAAAGAAGAG 120
CCTCAGAGGG ACAGGCTGCC GCAGGAGCCA GGCCGGGAGC AGGTNGTGGA AGACAGACCT 180
GTAGTGGA GAGGCTTCGG GGGAGCCGGA GAATGGGCC AGACCCACA GGTGCAGGCT 240
GCCCTGTGAG TGAGNCCAGG AAAATCCAGA GATGGAGGGC CCTGAGCGAG ACCAGCTTGT 300
CATCCCCGAC GGACAGGAGG AGGAGCAGGA AGCTGCCGGG GAAGGGAGAA ACCAGCAGAA 360
40 ACTGAGAGGA GAAGATGACT ACAACATGGA TGAAAATGAA GCAGAATCTG AGACAGACAA 420
GCAAGCAGCC CTGGCAGGGA ATGACAGAAA CATAGATGTT TTTAATGTTG AAGATCAGAA 480
AAGAGACACC ATAAATTTAC TTGATCAGCG TGAAAAGCGG AATCATACAC TCTGAATTGA 540
ACTGGAATCA CATATTTAC AACAGGGCCG AAGAGATGAC TATAAATGT TCATGAGGGA 600
CTGAATACTG AAAACTGTGA AATGTACTAA ATAAAATGTA CATCTGAANG ATGATTATTG 660
45 TGNAAATTTT AGTATGCACT TTGTGTAGGA AAAAATGGNA ATNGGTCTTT TAAACAGCTT 720
TTGGGGGGNT ACTTTNGGAA GTGTCTNAAT AANGGTGTCA CNAATTTTGT GNTAGTANGG 780
TATTTCTGTA GNAAGNNTTC AACACCAAAA CTNGGAACAT AGTTCTCCTT CAAGTGTGG 840
CGACANCGGG NNGCTTCCTG ATTCTGGAAT ATAACCTTGT GTAAATTAAC AGCCACCTAT 900
AGAAGAGTCC ATCTGCTGTG AAGGAGAGAC AGAGAACTCT GGGTTCGTC GTCCTGTCCA 960
50 CGTGCTGTAC CAAGTGCTGG TGCCAGCCTG TTACCTGTTT TCACTGAAAA GTCTGGCTAA1020
TGCTCTGTG TAGTCACTTC TGATTCTGAC AATCAATCAA TCAATGGNCC TAGANGCACT1080
GACTGTTAAC ACAAACGTCA CTAGNCAAAG TAGNCAACNA GCTTTAAGTC TAAATACAAA1140
GCTGTTCTGT GTGAGAATTT TTTAAAAGGC TACTTGTATA ATAACCTTGT TCATTTTAA1200
TGTACAAAAC GCTATTAAGT GGCTTAGAAT TTGAACATTT GTGGNTCTTT ATTTACTTTG1260
55 CTTNCGTGTG TGGGCAAAGC AACATCTTCC CTAATATAT ATTACCAAGA AAANGCAAGA1320
AGCAGATTAG GNTTTTTGAC NNAACANA ACAGGCCNNA AAAGGGGCGN TGNACCTGGA1380
GCAGAGCATG GTGNAGAGGC AAGGCATGNA GAGGGCAAGT TTGTTGTGGA CAGATCTGTG1440
CCTACTTTAT TACTGGAGTA AAANGAAAAC AAAGTTNCAT TGATGTCGNA AGGATATATA1500

5 CAGTGTNAG AAATTNNAGG NACTNGTTTN AGAAAAACAG GAATACNNAA TGGNTTGNTT1560
TTTATCATAN GTGNTACACA TTTAGCTTGT GGNTAAATNG ACTCACAAAA CTGANTTTTA1620
AAATCAAGTT AATGTGAATT TTGAAAATTA CTACTTAATC CTAATTCACA ATAACAATGG1680
CATTAAAGGTT TGACTTGAGT TGGTTCCTTAG TATTATTTAT GGTAAATAGG CTCTTACCAC1740
10 TTGCNAAATA ACTGGNCCAC ATCATTAAATG ACTGACTTCC CNAGTAANGG CTCTCTAAGG1800
GGTAAGTNAG GAGGATCCAC AGGATTTGAG ATGCTAAGGC CCCAGAGATC GTTTGATNCC1860
AACCCTCTTA TTTTCNAGAG GGGAAAATGG GGCCTNAGNA AGTTACANGA GCATCNTNAG1920
CNTGGTGCGC TGGNCACCCC NTGGCCNTCN ACACNAGACT CCCNGAGTAG CTGGGANCTA1980
CAGGCACACA GTCACTGAAG CAGGCCCNTG TTTGCAATTC ACGTTGCCNA CCTNCCAACN2040
15 TTAACATTN CTTCATATGT GATGTCCCTTA GTCACNTAAG GTTAAANCTT TNCCCACCCA2100
GAAAAGGCAA CTTAGATAAA ATCTTAGAGT ACTTTTCATAC TCTTCTAANG TCCTCTTCCA2160
GCCTCACTTT GAGTCTCCT TNGGGGTGA TNNNAGGAAT TTTCTCTTGC TTTCTCAATA2220
AAGTCTCTAT TCATCTCATG TTTAATTTGT ACGCATAGAA TTGCTGAGAA ATAAAATGTT2280
CTGTCAACT TANNNNNAAA AAAAAANAA AAAAAAAA 2319

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 546:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 2456 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 546

40 TGCAACTGTG CACCCAGCTT GCCAGATTTT TCCCCATTAC ACCCCCAGTG TGGCATATCC 60
TTGGTCCCCA GAGGCACACC CCTTGATCTG TGGACCTCCA GGCCTGGACA AGAGGCTGCT 120
ACCAGAAACC CCAGGCCCCCT GTTACTCAA TCCACAGCCA GTGTGGTTGT GCCTGACTCC 180
TCGCCAGCCC CTGGAACCAC ATCCACCTGG GGAGGGGCC TCTGAATGGA GTTCTGACAC 240
CGCAGAGGGC AGGCCATGCC CTTATCCGCA CTGCCAGGTG CTGTCGGCCC AGCCTGGCTC 300
45 AGAGGAGGAA CTCGAGGAGC TGTGTGAACA GGCTGTGTGA GATGTTCAGG CCTAGCTCCA 360
ACCAAGAGTG TGCTCCAGAT GTGTTGGGGC CCTAACTTGG CACAGAGTCC TGCTCCTGGG 420
AAAGGAAAGG ACCACAGCAA ACACCATTCT TTTTGCCGTA CTTCTTAGAA GCACTGGAAG 480
AGGACTGGTG ATGGTGGGAG GGTGAGAGGG TGCCGTTTTC CTGCTCCAGC TCCAGACCTT 540
GTCTGCAGAA AACATCTGCA GTGCAGCAA TCCATGTCCA GCCAGGCAAC CAGCTGCTGC 600
50 CTGTGGCGTG TGTGGGCTGG ATCCCTTGAA GGCTGAGTTT TTGAGGGCAG AAAGCTAGCT 660
ATGGGTAGCC AGGTGTTACA AAGGTGCTGC TCCTTCTCCA ACCCTACTT GGTTCCTC 720
ACCCCAAGCC TCATGTTTAT ACCAGCCAGT GGGTTCAGCA GAACGCATGA CACCTTATCA 780
CCTCCCTCCT TGGGTGAGCT CTGAACACCA GCTTTGGCCC CTCCACAGTA AGGCTGCTAC 840
ATTCAGGGGC AACCTGGGC TCTATCATTT TCCTTTTTTG CCAAAGGAC CAGTAGCATA 900
55 GGTGAGCCCT GAGCACTAAA AGGAGGGGTC CCTGAAGCTT TCCCACTATA GTGTGGAGTT 960
CTGTCCCTGA GGTGGGTACA GCAGCCTTGG TTCCTCTGGG GGTGAGAAT AAGAATAGTG1020
GGGAGGGAAA AACTCCTCCT TGAAGATTTT CTGTCTCAGA GTCCAGAGA GGTAGAAAGG1080
AGGAATTTCT GCTGGACTTC ATCTGGGCAG AGGAAGGATG GAATGAAGGT AGAAAAGGCA1140

GAATTACAGC TGAGCGGGGA CAACAAAGAG TTCTTCTCTG GGAAAAGTTT TGTCTTAGAG1200
CAAGGATGGA AAATGGGGAC AACAAAGGAA AAGCAAAGTG TGACCCTTGG GTTGGACAG1260
CCCAGAGGCC CAGCTCCCA GTATAAGCCA TACAGGCCAG GGACCCACAG GAGAGTGGAT1320
TAGAGCACAA GTCTGGCCTC ACTGAGTGGA CAAGAGCTGA TGGGCCTCAT CAGGGTGACA1380
5 TTCACCCAG GGCAGCCTGA CCACTCTTGG CCCCTCAGGC ATTATCCCAT TTGGAATGTG1440
AATGTGGTGG CAAAGTGGGC AGAGGACCCC ACCTGGGAAC CTTTTCCCT CAGTTAGTGG1500
GGAGACTAGC ACCTAGGTAC CCACATGGGT ATTTATATCT GAACCAGACA GACGCTTGAA1560
TCAGGCACTA TGTTAAGAAA TATATTTATT TGCTAATATA TTTATCCACA AATGTGGTCT1620
GGTCTTGTGG TTTTGTCTG TCGTGAAGT CACTCAGGGT AACACGTCA TCTCTTTCTA1680
10 CATCAAGAGA AGTAAATTAT TTATGTTATC AGAGGCTAGG CTCCGATTCA TGAAAGGATA1740
GGGTAGAGTA GAGGGCTTGG CAATAAGAAC TGGTTTGTA GGGCTTAA GTGTGGCTTA1800
GTGAGATCAG GGAAGGAGAA AGCATGACTG GATTCTTACT GTGCTTCAGT CATTATTATT1860
ATATGTGTTCA CTTACACAT TATCATACTT CAGTGACTCA GACCTTGGGC AAATACTCTG1920
TGCTCGCTT TTTCAGTCCA TAAATGGGC CTACTTAATA GTTGTGTCAG GACTTACATG1980
15 AGATAATAGA GTGTAGAAA TATGTTCCAA AGTGGAAAGT TTTATTCAGT GATAGAAAAC2040
ATCCAAACCT GTCACAGAGC CCATCTGAAC ACAGCATGGG ACCGCCAACA AGAAGAAAGC2100
CCGCCCCGAA GCAGCTCAAT CAGGAGGCTG GGCTGGAATG ACAGCGCAGC GGGGCCTGAA2160
ACTATTTATA TCCCAAAGCT CCTCTCAGAT AAACACAAAT GACTGCGTTC TGCTGCACT2220
CGGGCTATTG CGAGGACAGA GAGCTGGTGC TCCATTGGCG TGAAGTCTCC AGGGCCAGAA2280
20 GGGGCCTTTG TCGCTTCCTC ACAAGGCACA AGTCCCCTT CTGCTTCCCC GAGAAAGGTT2340
TGGTAGGGGT GGTGGTTTAG TGCCTATAGA ACAAGGCATT TCGCTTCCTA GACGGTGAAA2400
TGAAAGGGAA AAAAAGGACA CCTAATCTCC TACAAATGGT CTTTAGTAAA GGAACC 2456

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 547:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2218 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 547

GAGGAAAAAG AACAAATGAAC AGCAACGATC TTGACTGTGC AACTCAGACA TTCCTGCAGA 60
AAAGACATAT GTTGCTTTAC AAGAAGGCCA AAGAACTATG GGGCCTTCCC AGCATTTGAC 120
50 TGTTCAATTG ATAGAATGAA TTAAATATCC AGTACTTGA ATGGGTATAA CGCATGAATG 180
TGTTGATTTA TTAGGGGCAT CTGCCAATTC TCTCACTGTG GTTCCTTCTC TGACTTTGCC 240
TGTTTCATCAT CTAAGGAGGC TAGATCCTTC GCTGACTTCA CCATTCTCTA AACCTGTAAG 300
TTTCTCACTT CTTCCAAATT GGCTTTGGCT CTTTCTTCAA CCTTTCCATT CAAGAGCAAT 360
CTTTGCTAAG GAGTAAGTGA ATGTGAAGAG TACCAACTAC AACAAATCTA CAGATAATTA 420
55 GTGGATTGTG TTGTTTGTG AGAGTGAAGG TTTCTTGGCA TCTGGTGCCT GATTAAGGCT 480
TGAGTATTAA GTTCTCAGCA TATCTCTCTA TTGCTTGAC TTGAGTTTGC TGCAATTTCT 540
ATGTGCTGTT CGTGACTTGG AGAACTTAAA GTAATCGAGC TATGCCAACT TGGGGTGGTA 600
ACAGAGTACT TCCCACCACA GTGTTGAAAG GGAGAGCAAA GTCTTATGGA TAAACCTCC 660

TTTCTTTTGG GGACACATGG CTCTCACTTG AGAAGCTCAC CTGTGCTGAA TGTCCACATG 720
GTCATAAAC ATGTTATCCT TAAACCCCC GTATGCCTGA GTTGAAAGGG CTCTCTCTTA 780
TTAGGTTTTT ATGGAACAT GAGGCAGCAA ATCTATTGCT AAGACTTTAC CAGGCTCAAA 840
TCATCTGAGG CTGATAGATA TTTGACTTGG TAAGACTTAA GTAAGGCTCT GGCTCCCAGG 900
5 GGCATAAGCA ACAGTTTCTT GAATGTGCCA TCTGAGAAGG GAGACCCAGG TTATGAGTTT 960
TCCTTTGAAC ACATTGGTCT TTTCTCAAAG TTCCTGCCTT GCTAGACTGT TAGCTCTTTG1020
AGGACAGGGA CTATGTCTTA TCAATCATA TTATTTTCCT GTTACCTAGC ATGGGACAAG1080
TACACAACAC ATATTTGTGT AGTCTTCTAA AAGACTCCTC TGATTGGGAG ACCATATCTA1140
TAATTGGGAT GTGAATCATT TCTTCAGTGG AATAAGAGCA CAACGGCACA ACCTTCAAGG1200
10 ACATATTATC TACTATGAAC ATTTTACTGT GAGACTCTTT ATTTTGCCTT CTACTTGC GC1260
TGAAATGAAA CCAAAACAGG CCGTTGGGTT CCACAAGTCA ATATATGTTG GATGAGGATT1320
CTGTTGCCTT ATTGGGAACT GTGAGACTTA TCTGGTATGA GAAGCCAGTA ATAAACCTTT1380
GACCTGTTTT AACCAATGAA GATTATGAAT ATGTTAATAT GATGTAATTT GCTATTTAAG1440
TGTAAGCAG TTCTAAGTTT TAGTATTTGG GGGATTGGTT TTTATTATTT TTTCTCTTTT1500
15 TGAAAAATAC TGAGGGATCT TTTGATAAAG TTAGTAATGC ATGTTAGATT TTAGTTTTGC1560
AAGCATGTTG TTTTCAAAT ATATCAAGTA TAGAAAAAGG TAAACAGTT AAGAAGGAAG1620
GCAATTATAT TATTCTTCTG TAGTTAAGCA AACACTTGT GAGTGCCTGC TATGTGCACG1680
GCATGGGCCC ATATGTGTGA GGAGCTTGTC TAATTATGTA GGAAGCAATA GATCTCGGTA1740
GTTACGTATT GGGCAGATAC TTAGTGTATG AATGAAAGAA CATCACAGTA ATCACAATAT1800
20 CAGAGCTGAG TTATCCCCAG TGTAGCTTCG TTGGGGATT CAGTTTCTGG GAACGAGAGT1860
TAGGGCCATT TTATTTAAAA GAAACTCCCG GTTGAGACCG GTTCTTATGA ACCTCTGAAA1920
CGTACAAGCC TTCACAAGTT TAACTAAATT GGGATTAATC TTTCTGTAGT TATCTGCATA1980
ATTCTTGT TTCTTTCCAT CTGGCTCCTG GGTGACAAT TTGTGGAAAC AACTCTATTG2040
CTACTATTTA AAAAAATCA GAAATCTTTC CCTTTAAGCT ATGTTAAATT CAACTATTC2100
25 CTGCTATTCC TGTTTTGTCA AAGAATTATA TTTTCAAAA TATGTTTATT TGTTTGATGG2160
GTCCAGGAA ACATAATAA AAACCACAGA GACCAGCCCC AAAAAAAAAA AAGTTTTG 2218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 548:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2196 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 548

CGGCGCGATG CGCGGAGACC CCCGCGGGGG CGGCGCGGCG CGTGAGCCCC GATGAGGCCC 60
GAGCGTCCCC GGCCGCGCGG CAGCGCCCCC GGCCCGATGG AGACCCCGCC GTGGGACCCA 120
GCCCCGAACG ACTCGCTGCC GCCACGCTG ACCCGGCGCG TGCCCCCTA CGTGAAGCTT 180
55 GGCTCACCG TCGTCTACAC CGTGTCTAC GCGCTGCTCT TCGTGTTCAT CTACGTGCAG 240
CTCTGGCTGG TGCTGCGTTA CCGCCACAAG CGGCTCAGCT ACCAGAGCGT CTTCTCTTT 300
CTCTGCCTCT TCTGGGCCTC CCTGCGGACC GTCCTCTTCT CCTTCTACTT CAAAGACTTC 360
GTGGCGGCCA ATTCGCTCAG CCCCTTCGTC TTCTGGCTGC TCTACTGCTT CCCTGTGTGC 420

```

CTGCAGTTTT TCACCCCTCAC GCTGATGAAC TTGTACTTCA CGCAGGTGAT TTTCAAAGCC 480
AAGTCAAAAT ATTCTCCAGA ATTACTCAA TACCGGTTGC CCCTCTACCT GGCCCTCCCTC 540
TTCATCAGCC TTGTTTTCTT GTTGGTGAAT TTAACCTGTG CTGTGCTGGT AAAGACGGGA 600
AATTGGGAGA GGAAGGTTAT CGTCTCTGTG CGAGTGGCCA TTAATGACAC GCTCTTCGTG 660
5 CTGTGTGCCG TCTCTCTCTC CATCTGTCTC TACAAAATCT CTAAGATGTC CTTAGCCAAC 720
ATTTACTTGG AGTCCAAGGG CTCCTCCGTG TGTCAAGTGA CTGCCATCGG TGTCACCGTG 780
ATACTGCTTT ACACCTCTCG GGCCCTGTAC AACCTGTTCA TCCTGTCATT TTCTCAGAAC 840
AAGAGCGTCC ATTCTTTTGA TTATGACTGG TACAATGTAT CAGACCAGGC AGATTTGAAG 900
AATCAGCTGG GAGATGCTGG ATACGTATTA TTTGGAGTGG TGTTATTTGT TTGGGAACCTC 960
10 TTACCTACCA CCTTAGTCGT TTATTTCTTC CGAGTTAGAA ATCCTACAAA GGACCTTACC1020
AACCTTGGA TGGTCCCCAG CCATGGATTC AGTCCCAGAT CTTATTTCTT TGACAACCT1080
CGAAGATATG ACAGTGATGA TGACCTTGCC TGGAACATTG CCCCTCAGGG ACTTCAGGGA1140
GGTTTTGCTC CAGATTACTA TGATTGGGGA CAACAACTA ACAGCTTCCT GGCACAAGCA1200
GGAACCTTGC AAAGACTCAA CTTTGGATCC TGACAAACCA AGCCTTGGGT AGCATCAGTT1260
15 AACAGTTTTA TGGACGATTC CTCAGATGAA AAGCTTCAGA AAAGCATAGT GACAGCTGAA1320
TTTTTAGGGC ACTTTTCCTT AAGAAATAGA ACTTGATTTT TATTTGTTAC AGGTTTCCA1380
TGCCCCATA GGAATAAGCA ATAATGTAGA CTGATAAACC CTTATTTTAG TACTAAAGAG1440
GGAGCCTTGC TATTTAGTGC GGTATAATTT AAACTTTTTA AAGAAAATCT GTACTTTTAT1500
AAAGATGTAT TTTGTATAAC TTAAATAATA ATGCTAAAGT ATACTAGGT TTTTTTTCT1560
20 TGAGAATGTT ACTGCAATCA TGTTGTAGTT TGCACAGACT TTTATGCATA ATTCACTTTA1620
AAAATATAGA ATATATGGTC TAATAGTTTT TTAAAGCTTT TGGACTAAAG TATTCACAA1680
ATCTTACCTC TTTAGGTCAC TGATGGTCAC TCCGATTCTG AGTGCCACAT TGGTAGACTC1740
CTAAAATACA GTTGACAACCT TAGCCAATTG CAACTCCAGT GTTGATAATT AAAATGAAAT1800
GGTAAAGCAG CAGACTGTAA GGTCTTTAGA GATTTTTTTT TTAAGGTTCA GGCCGTAGGT1860
25 TCCTCAAGGA ATCTCTTAAG TTTTGCCCAA AGACTGGTAC TTCCTTTTCA TAGGGCGCTA1920
ATGTATACAC ATTAATGATA AGTTGATAAC ATTAATAATG TAGCTGACTT ATCCTATTAA1980
ACCTCCTCTG CTATGTTTAC AGAACCCCA TAACTTTTTT TCAGCCTAAT GAAATCTAAT2040
ATGCATTACC TCAGGGCCAC ATCAAGAATA CACCCCTTTC CGAACTCACT GAATGTTTCA2100
TACATTCAAG GAGAAAATAA GAGGGTCCAT AAAGGGCATT AATAACAAAT ACCCCAAGCC2160
30 GTTGAGCTAA GACTATGTGG AATCCTAATA GTTTTTT 2196

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 549:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 35 (A) LÄNGE: 701 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 549
- 55 AATTAAAATA AATAGAAACA TACGGAGATT CTTTTATGTT GGATTTATTA TACCCTCCAC 60
CATTTTGGTC CCTGAAAAGG GAAAAGATAC ACGGTCGAGT AGTACAGGTA TGTGTTTCCC120
ACTACACATT ATGGCTATAA TGGAGTTGAA TTGCAACAG TAAAATTTTG TTTTGGATTG180

5 GTTTCCTG ATCCCCCAG ACAGGAGCTT CCTCTCCAC CCTACCTGCC TGCCCTTAAG240
TTGTGCTTA TTAAGTGA CACAAATCTC ACCGGCTTTT AGTCTAATAA TTGAATCATA300
GCTACACACA GTGACACCAG AATAGCTACT TGTTTTTTTA TGTTACCAGT GAGTAACTTG360
TTTATCCTTG TATGTAGAAA CTAATTTTAC CATGATCACA GATCTGTGTA ACATCTCTAG420
TTTGAATTTT CACACAATTT TAAATGTCT ACTAGAAAAC TTACACCTTT TTGTTCCAAG480
GTGCTCTTCA TCTATAAAAC CGTGGGCATA CTTCAGTGTT CTTCTGAGGC CAAATTTTGT540
GGGTCGTGGG GGACAATTTT GTATTAACAT ACGTTATTTT GTAATTCATT CTCCAAATTT600
GAAGCTTTAT TAAAGGTATT CTATTTCCAC TGGCTTCCCT TAACCTGAAT AAAATTTACT660
10 CCCAGTGCCG TGGCTCATGC CTGCTGCAAT CCCAGCCCTT T 701

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 550:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 2214 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 550

35 GCTAAAGAGG AGGATGCTAT ACTTTTCTAA ATGGCAAGAG ATGGGGAGAG AAGGGGATTA 60
AGAGTTGACC CGCAACCTCC CGGTGGATTC TTTGTTCTTA CCAGATCTCT TGGCCACTCC 120
CCTATTCTGA AGTCGTCTTG GCTCTCTTGA CTGCTCCCTT ATTCTGAAGT CGTCTTGGCT 180
CTCTTGACTA CTCCCCTATT CTGAAGTCGT CTGGCTCTC CTGACTACAC TATTTCAAGG 240
AATGATCACC AAGACACACA AAGTAGACCT TGGGCTCCCA GAGAAGAAAA AGAAGAAGAA 300
40 AGTGGTCAAA GAACCAGAGA CTCGATACTC AGTTTTAAAC AATGATGATT ACTTTGCTGA 360
TGTTTCTCCT TTAAGAGCTA CATCCCCCTC NTAAGAGTGT GGCCCATGGG CAGGCACCTG 420
AGATGCCTCT AGTGAAGAAA AAGAAGAAGA AAAAGAAGGG TGTCAGCACC CTTTGCGAGG 480
AGCATGTAGA ACCTGAGACC ACGCTGCCTG CTAGACGGAC AGAGAAGTCA CCCAGCCTCA 540
GGAAGCAGGT GTTTGGCCAC TTGGAGTTCC TCACTGGGGA AAAGAAAAAN TAAGAAGTCA 600
45 CCTCTAGCCA TGTCCCATGC CTCTGGGGTG AAAACCTCCC CAGNACCNT AGACAGGGTG 660
AGGAGGAAAC CAGAGTTGGC AAGAAGCTCA AAAAANCACA AGAAGGAAAA AAAGGGGGNC 720
CCAGGACCCC ACNAGCCTTC TCGGTCCAGG ACCCTTGGTT CTGTGAGGCC AGGGAGGCCA 780
GGGATGTTGG GGACACTTGC TNCAGTGGGG AAGAAGGATG AGGAACAGGC AGCCTTGGGG 840
NCAGAAACGG AAGNCGGAAG AGCCCCAGAG AACACAATGG GAAGGTGAAG AAGAAAAAAA 900
50 AAATCCACCA GGAGGGAGAT GCCCTCCAG GCCACTCCAA GCCCTCCAGG TCCATGGAGA 960
GCAGCCCTAG GAAAGGAAGT AAAAGAAGC CAGTCAAAGT TGAGGCTCCG GAATACATCC1020
CCATAAGTGA TGACCCTAAG TCCTCCGCAA AGAAAAAGAT GAAGTCCAAA AAGAAGGTAG1080
AGCAGCCAGT CATCGAGGAG CCAGCTCTGA AAAGGAAGAC GAGGAAGAAG AGGAAAGAGA1140
GTGGGGTAGC AGGAGACCTT TGGAGGGAGG AAACAGACAC GGAAGTAGAG GTGGTGTGG1200
55 AAAAAAAGG CAACATGGAT GAGGCGCACA TAGACCAGGT GAGGCGAAAG GCCTTGCAAG1260
AAGAGATCGA TCGCGAGTCA GGCAAAACGG AAGCTTCTGA AACCAGGAAG TGGACGGGAA1320
CCCAGTTTGG CCAGTGGGAT ACTGCTGGTT TTGAGAACGA GGACCAAAAA CTGAAATTT1380
TCAGACTTAT GGGTGGCTTC AAAACCTGT CCCCTTCGTT CAGCCGCCCC GCCAGCACGA1440

TTGCAAGGCC CAACATGGCC CTCGGCAAGA AGGCGGCTGA CAGCCTGCAG CAGAATCTGC1500
AGCGGGACTA CGACCGGGCC ATGAGCTTGG AAGTACAGCC GGGGAGCCGG CTTGCGGTGT1560
TCTCCACCGC CCCCACAAG ATCTTTTACA TTGACAGGAA CGCTTCCAAG TCAGTCAAGC1620
TGGAAGATTA AACTCTAGAG TTTTGTCCCC CCAAACTGC CACAATTGCT TTGATTATTC1680
5 CATTATGCT GGAGATTACA AATTTTTTTT GGTGAACAAA TCAGATCTTG GTGAGGACCT1740
CGAGCAGTAA GATATAATA ACTCCCNATA AGCTTAGNCG TTCCCAGTAA TGGAACTA1800
GGCATAAANT GGTATTATNC AGTTGTGCAA ATGAAAGCCA TCTGACAGTT GGCTNCACAT1860
TGAACACCTG TGGAGATTAA GGACGAGGAC AACTATATTG ATGGGCTTGG ATGAACTGGG1920
GCAGGGCAGC TCATATTTTC GGAGCCAGGA GAACGAGTGA GTGCTAAAAC CTCCTGTTTT1980
10 CTGTGTTAAA CATTCCGTCC CTGTTTGAGA CATCAGTATG TACAGTTAAC TTTTGTGAG2040
TGTTTAGCAG GTACTAGGGA CATACTAGTG TTTTCCTTAA TGTATTTAAT CTTCATAATT2100
ATGAAATGGG TGCTATTATT AGCCCCATCT TATAGATGAG GCAACTGAGG TTCAGGGATA2160
AAGTAATAAA ATTGCCTGGG GTCACCCAGC CACTAAAAAA AAAAAAAAAA AAAA 2214

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 551:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 1434 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 551

40 GCGCGGCCGG CGCCTGCGGG GCGAGAGGGT CGGGGCGAAG GGGAAAGCTAC GTCCCGGAGG 60
TGCGGTGTGG GGCACCGGGC GGGGCCGCGG GAACCGGCGC CCCACGGAGC TGCTGCTGTC 120
AGACCAACCC CGGGCCCCCA TCATCACTGC GCCGCGCTTT CAGGCGCCGA GAACTACCGT 180
TCCCGGCATG CCATGAAATT GGCTCGGCG CTGAGGCGGG GTCCGGCCCT CCACCCGCTC 240
CCGCCGCGCG CGAATCGCGG TCGCGAGCCA TGGAGGAGGA GGCATCGTCC CCGGGGCTGG 300
GCTGCAGCAA GCCGCACCTG GAGAAGCTGA CCCTGGGCAT CACGCGCATC CTAGAATCTT 360
45 CCCCAGGTGT GACTGAGGTG ACCATCATAG AAAAGCCTCC TGCTGAACGT CATATGATT 420
CTTCCTGGGA ACAAAGAAT AACTGTGTGA TGCCTGAAGA TGTGAAGAAC TTTTACCTGA 480
TGACCAATGG CTTCCACATG ACATGGAGTG TGAAGCTGGA TGAGCACATC ATTCCACTGG 540
GAAGCATGGC AATTAACAGC ATCTCAAAAC TGAAGCTGAGT CACCCAGTCT TCCATGTATT 600
CACTTCCTAA TGCACCCACT CTGGCAGACC TGGAGGACGA TACACATGAA GCCAGTGATG 660
50 ATCAGCCAGA GAAGCCTCAC TTTGACTCTC GCAGTGTGAT ATTTGAGCTG GATTCATGCA 720
ATGGCAGTGG GAAAGTTTGC CTTGTCTACA AAAGTGGGAA ACCAGCATTA GCAGAAGACA 780
CTGAGATCTG GTTCTTGGAC AGAGCGTTAT ACTGGCATT TCTCACAGAC ACCTTTACTG 840
CCTATTACCG CCGTCTCATC ACCACCTGG GCCTGCCCCA GTGGCAATAT GCCTTCACCA 900
GCTATGGCAT TAGCCACAG GCCAAGCAAT GGTTCAGCAT GTATAAACCT ATCACCTACA 960
55 ACACAAACCT GCTCACAGAA GAGACCGACT CCTTTGTGAA TAAGCTAGAT CCCAGCAAAG1020
TGTTTAAGAG CAAGAACAAG ATCGTAATCC CAAAAAAGAA AGGGCCTGTG CAGCCTGCAG1080
GTGGCCAGAA AGGGCCCTCA GGACCTCCG GTCCCTCCAC TTCCTCCACT TCTAAATCCT1140
CCTCTGGCTC TGGAAACCCC ACCCGGAAGT GAGCACCCCT CCCTCCAAC CTCTACCAGC1200

TCCAGAGTGG TGGTTTCCAT GCACAGATGG CCCTAGGGGT GACCTCCAGT TTTGCGTGTG1260
GACCGTAGGC CTCTTTCTAG TTGAATGACC AAAATTGTAA GGCTTTTAGT CCCACCGACA1320
TTAGCCAGGC TCGTAGTGAG GCCTCCAGAG CAGGTTGTGC TGTCCCCTGC CTCTGGAAGC1380
AATGGGGAAT GTGAATCAA GACAATGCCC AAAAAATTTT TAATGCAGCT GGTC 1434

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 552:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2434 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 552

30 CCCGAGAGAAG GTGGAGGGAG ACGAGAAGCC GCCGAGAGCC GACTACCCTC CGGGCCCACT 60
CTGTCTGTCC GTGGTGGATC TAAGCCTCAT CTGTATCCTC TTGTGATGGC GTGAAGGAAA 120
GCCATGGCAG ATTTCCAGCC TGGTGATGCT GTACAGAACA CAGGTGGCCT GCTTCCATGC 180
CTCCTCAGCT TCAAGAACT AGAATGAACC GAAGCATTCC TGTGGAGGTT GATGAATCAG 240
AACCATACCC AAGTCAGTTG CTGAAACCAA TCCCAGAATA TCCCCGGA GAGGAATCAG 300
35 AACCACCTGC TCCAAATATA AGGAACATGG CACCAACAG CTTGTCTGCA CCCACAATGC 360
TTCACAATTC CTCCGGAGAC TTTTCTCAAG CTCACCTAAC CCTGAAACTT GCAAAATCACC 420
AGCGGCCTGT ATCCCGGCAG GTCACCTGCC TCGCCTCACTA AGTTCTGGAG GACAGTGAAG 480
ACAGTTTCTG CAGGAGACAC CCAGGCCTGG GCAAAGCTTT CCCTTCTGGG TGCTCTGCAG 540
TCAGCCGAGC TCGCTCTGAG TCTGTGGTTG GAGCCCTCCC TGCAGAGCAT CAGTTTTCAT 600
40 TTATGGAAAA ACGTAATCAA TGGCTGGTAT CTCAGCTTTC AGCGGCTTCT CCTGACACTG 660
GCCATGACTC AGACAAATCA GACCAAGTT TACCTAATGC CTCAGCAGAC TCCTTGGGCG 720
GTAGCCAGGA GATGGTGCAA CGGCCCCAGC CTNCACAGGA ACCGAGCAGG CCTGGATCTG 780
CCAACCATAG ACACGGGATA TGATTCCCAG CCCCAGGATG TCCTGGGCAT CAGGCAGCTG 840
GAAAGGCCCC TGNCCCTCAC CTCCGTGTGT TACCCCCAGG ACCTCCCCAG ACCTCTCAGG 900
45 TCCAGGGAGT TCCCTCAGTT TGAACCTCAG AGGTATCCAG CATGTGCACA GATGCTGCCT 960
CCCAATCTTT CCCACATGC TCCATGGAAC TATCATTACC ATTGTCTGG AAGTCCCGAT1020
CACCAGGTGC NCATATGGCC ATGACTACCC TCGAGCAGCC TACCAGCAAG TGATCCAGCC1080
GGCTCTGCCT GGGNCAGCCC CTNNGCCTGG AGCCAGTGTG AGAGGCCTGC ACCCTGTGCA1140
GAANNGGTTA TCCTGAATTA TCCCAGCCCC TGGGACCAAG AAGAGAGGCC CGCACAGAGA1200
50 GACTGCTCCT TTCCGGGGCT TCCAAGGCAC CAGGACCAGC CACATCACCA GCCACCTAAT1260
AGAGCTGGTG CTCCTGGGGA GTCCTTGAG TGCCTGCAG AGCTGAGACC ACAGGTTCCC1320
CAGCCTCCGT CCCAGCTGC TGTGCCTAGA CCCCTAGCA ACCCTCCAGC CAGAGGAAT1380
CTAAAAACAA GCAATTTGCC AGAAGAATTG CGGAAAGTCT TTATCACTTA TTCGATGGAC1440
ACAGCTATGG AGGTGGTGAA ATTCGTGAAC TTTTGTGG TAAATGGCTT CCAAAGTGA1500
55 ATTGANCANT ATTTGAGGAT AGAATCCGAG GCATTGATAT CATTNAAATG GATGGAGCGC1560
TACCTTANGG GATAAGACCG TGATGATAAT CGTAGCAATC AGCCCNAAA NTACAAANNC1620
AGGACGTNGG NAAGGNCGCT GANGTCNGCA GCTGGACGAG GATGAGCATG GCTTACATAC1680
TAAGTACATT CATCGAATGA TGCAGATTGA GTTCATAAAA CAAGGAAGCA TGAATTTTCAG1740

ATTCATCCCT GTGCTCTTCC CAAATGCTAA GAAGGAGCAT GTGCCCACCT GGCTTCAGAA1800
CACNTCATGT CTACAGCTGG CCCAAGAATN AAAAAAACA TCCTGCTGCG GCTGCTNGAG1860
AGAGGAAGAG TATGTGGCTC CTCCACGGGG GCCTCTGCCC ACCNCTTCAG GTGGTTCCCT1920
TGTGANCAACC GTTCATCCCC AGATCACTGA GGCCNAGGCC ATGTTTGCGN GCCTTGTTCT1980
5 GNACAGCATT CTGGCTGAGG CTNGGTCGGT AGCANNCTCC TGGCTGGTTT TTNTTCTGTT2040
CCNTCCCCGA NGAAGCCCTC TGGNNCCCC ANGGAAACCT GTTGTGCAGA GCTCTTCCCC2100
GGAGACCTCC NACACANCCC TGGNCTTTGA AGTGGAGTCT GTGNACTGNC TCTGCATTNC2160
TCTGCTTTTN AAAAAAACCA TTGCAGGTGN CCAGTGTCCC ATATGTTNCC TCCTNGACAG2220
NTTTGATGTN GTNCCATTCT NGGGCTCTC AGTGCTTAGC AAGTAGATAA TGTAAGGGAT2280
10 GTNNGCAGCA AATGGAAATG ACTACAAACA CTCTCCTATC AATCACTTCA GGCTACTTTT2340
ATGAGTTAGC CAGATGCTTG TGTATCCTCA NGACCAAACCT GATTTCATGTA CAAATAATAA2400
AATGTTTACT CTTTGTGAAA AAAAAAAAAA AAAA 2434

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 554:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1457 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 554

ACTAACCAG AGTTGTGGCA TTATTAATTA TCACTGGTCT TCTTAATCGT AAAACGGGGG 60
ACCCAGAGG CAAGGAAAT TCCATTACCC TATATTGGGC TTAAACTTAA AGGAGTATAT 120
40 CCACTATCAA GAGCTTAGTA CAAAGGCTGG GGTGAAGTTA CATTATACCT GGGCGTTTAA 180
CCATACCAGG GACCCACCT CAACAATGAC TGTGGAAGAC CAAAGGAGAT ACCTAGGTTT 240
AGATTATAAT AAATCACCCA GCACCACCTG AATGTATTAT CCACAAAGAT ATAGCAATAA 300
TAAAGGTAT ATATACATAT ATTTATCTTG GTAACCTGAG GGCTAAAAAC GTGGAATACG 360
ATAATTCTTC TCAAGAGGTC CATCTGTAAG AAAGGGACCC AAAAGGACAG TGTTTGTGTT 420
45 GCATAAAATA TGGGTAAAGT GGAGTTGGGA ACAGAGGGTG GTTCTTTTAG CTCTTTCCAC 480
ATCTCTCTTT GATAAGGACT GAAACCCTGT TGATTATGA TAAACGTTTC CTTTTTTTTT 540
TTTTTTGGCA GCGGGGAGAG GGAAGAGGA GGAATGGGG TTTGAGGACC ATGGCTTACC 600
TTTCCTGCCT TTGACCCATC ACACCCCAT TCTCCTCTT TCCCTCTCCC CGCTGCCAAA 660
AAAAAAAAA AGGAAACGTT TATCATGAAT CAACAGGGTT TCAGTCCCTTA TCAAAGAGAG 720
50 ATGTGGAAAG AGCTAAAGAA ACCACCCTTT GTTCCCACT CCACTTTACC CATATTTTAT 780
GCAACACAAA CACTGTCCTT TTGGGTCCCT TTCTTACAGA TGGACCTCTT GAGAAGAATT 840
ATCGTATTCC ACGTTTTTAG CCTCAGGTT ACCAAGATAA ATATATGTAT ATATAACCTT 900
TATTATTGCT ATATCTTTGT GGATAATACA TTCAGGTGGT GCTGGGTGAT TTATTATAAT 960
CTGAACCTAG GTATATCCTT TGGTCTTCCA CAGTCATGTT GAGGTGGGCT CCCTGGTATG1020
55 GTAAAAAGCC AGGTATAATG TAACTTCACC CCAGCCTTTG TACTAAGCTC TTGATAGTGG1080
ATATACTCTT TTAAGTTTAG CCCCAATATA GGGTAATGGA AATTTCTGCT CCTCTGGGTT1140
CCCCATTTT ACTATTAAGA AGACCAGTGA TAATTTAATA ATGCCACCAA CTCTGGCTTA1200
GTAAAGTGAG AGTGTGAAC GTGTGGCAAG AGAGCCTCAC ACCTCACTAG GTGCAGAGAG1260

CCCAGGCCTT ATGTTAAAT CATGCACTTG AAAAGCAAAC CTTAATCTGC AAAGACAGCA1320
GCAAGCATTAC TACGGTCATC TTGAATGATC CCTTTGAAAG TTTTTTTTTG GTTGGTTTGG1380
TTTAAATCA AGCCTGAGGC TGGGTGGAAA CAGGTAGCCT ACACACCCCA AATTGGGGGT1440
GGTCCCGGGG GAATGTT 1457

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 555:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 741 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 555

30 CCTCTAAAA GACTGGGAAA GCAGCTTTGG GCTTTGGGTC CTCCTAAAAA AACCAAGGCG 60
GATGACTTGG GGTTTGGATC CCCTTCGGAT GTCACCTGAA AAAGCCTTAG CAGACCTGAT120
TGAGAAGGAA CTGTCCCGTT CAAAGACCAA CCTTCCCTTT CGCCCCACAT CTCTTCAGAA180
CTCCTCTTCA CACACTACAA CCGCCAAAGG TCCCAGGCTC TGGATTCCCTG CATCCTGCTG240
CAGCTACAAA TGCCAATTCT CTAATAGTA CCTTTTCAGT CTTGCCCCAG AGGTTCCCTC300
35 AATTTTCAGCA GCACCGAGCG GTTATAATT CATTCAGTTT TCCAGGCCAG GCAGCCCGCT360
ATCCTTGGAT GGCCTTTCCA NCGCAATAGC ATCATGCNAC TTGAACCACA CAGCAAACCC420
CACCTCAAAT AGTAATTTCT TGGACTTGAA TCTCCCGCCA CAGCACAAACA CAGGTCTGGG480
AGGGATCCCT GTAGCAGGGG AAGAAGAGGT GAAGGTTTCG ACCATGCCAC TGTCAACCTC540
TTCCCATTC AACAACAAG GACAGCAGCC TACAAGTCTC CACACTACTG TGGCCTGACA600
40 ACAGAACTGA GAGGAGAGGA TTAGACTCTG GGGTGCTTGC ATGGGCAACT GGATTTTTC660
ATGATTCCCT TATGATTTTG CTTTAAATGT ATACACCCAG AAGAGCCAAT ATAAACGTT720
CTCATGCCTA AAAAAAAAAA A 741

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 561:

- (A) LÄNGE: 470 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 561:

10 TDQPNIQSVK IHSLPLRNPV KGCECPRRD GFGFIKCVDR DVRMFFHFSE ILDGNQLHIA 60
DEVEFTVVPD MLSAQRNHAI RIKKLPGKTV SFHSHSDHRF LGTVEKEATF SNPKTTSFNK120
GKEKEAEDGI IAYDDCGVKL TIAFQAKDVE GSTSPQIGDK VEFISDKQR PGQQVATCVR180
LLGRNSNSKR LLGYVATLKD NFGFIETANH DKEIFFHYSE FSGDVDSLEL GDMVEYSLSK240
GKGNKVSARE VNKTHSVNGI TEEADPTIYS GKVIRPLRSV DPTQTEYQGM IEIVEEGDMK300
GEVYPFGIVG MANKGDCLOK GESVKFQLCV LGQNAQTMAY NITPLRRATV ECVKDQFGFI360
15 NYEVDGSKKL FFHVKEVQDG IELQAGDEVE FSVILNQRTE KCSACNVWRV CEGPKAVAAP420
RPDRLVNRLK NITLDDASAP RLMVLRQPRG PDNSMFGAE RKIRQAGVID 470

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 562:

20 (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 562:

35 LNAILNFFHM EKELLAISYF IVNEAKLIFH TFHCGPAQGC DVVSHSLCIL AQDTQLELDA 60
LPFLQAIPFV GHPNDAKWID LTFHIALLN LNHSVLVSLC WINTPQGANY FARVNGGISF120
LSNAIH 126

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 563:

40 (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 563:

KSHTSCNLLS RPLFVTNTKF NLISYLRRSR SFHILGLKSN SQFHPTVIIS NNAILSLLLF60
AFIWASGFRI GKSGFFFYRA QKTVI 85

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 564:

(A) LÄNGE: 549 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 564:

25 LYPNFLVNEL ILKQKQRFEE KRFKLDHSVS STNGHRWQIF QDWLGTQDN LDLANVNLML 60
ELLVQKKKQL EAESHAAQLQ ILMEFLKVAR RNKREQLEQI QKELSVLEED IKRVEEMSG120
YSPVSEDSTV PQFEAPSPSH SSIIDSTEYS QPPGFSGSSQ TKKQPWYNST LASRRKRLTA180
HFEDLEQCYF STRMSRISDD SRTASQLDEF QECLSKFTRY NSVRPLATLS YASDLYNGSS240
IVSSIEFDRD CDYFAIAGVT KKIKVYEYDT VIQDAVDIHY PENEMTCNSK ISCISWSSYH300
KNLLASSDYE GTVILWDGFT GQRSKVYQEH EKRCWSVDFN LMDPKLLASG SDDAKVKLWS360
30 TNLDNSVASI EAKANVCCVK FSPSSRYHLA FGCADHCVHY YDLRNTKQPI MVFKGHRKAV420
SYAKFVSGEE IVSASTDSQL KLNWVGKPYC LRSFKGHINE KNEVGLASNG DYIACGSENN480
SLYLYYKGLS KTLTTFKFDT VKSVLDKDRK EDDTNEFVSA VCWRALPDGE SNVLIAANSQ540
GTIKVLELV 549

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 565:

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 565:

55 TLYFVYIDMC NSQRGWEIRT LQIIHCYIIV HICYFVTFVF SFVFFFFFFF FFCGSINFYC 60
FVIYFYSKEF VLSQKLDNT TKSSNVHGVV LMVESWLGIP NVPKVIKEGK EKKKKIFKTN120
PKPMMTLGRD IT 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 566:

- 5 (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Prot. in
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 566:

20 GTVLSSLTGE YKPLISSTLL ISSSKTLSSF WICSSCSLLF LLATLRNSIR ICSWAACDSA60
SSCFFFTSN SNIRLTLAKS RLSWSVPNQS 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 567:

- 25 (A) LÄNGE: 331 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 567:

40 SANHKLEVNG TDGLAPVEVE ELLRQASERN SKSPTEYHEP VYANPFYRPT TPQRETVTPG 60
PNFQERIKIK TNLGIGVNE SIHNMGNLS EERGNNFNHI SPIPPVPHPR SVIQQAEK120
HTPQKRLMTP WEESNVMQDK DAPSPKPLS PRETIFGKSE HQNSSPTCQE DEEDVRYNIV180
HSLPPDINDT EPVTMIFMGY QQAEDSEEDK KFLTGYDGII HAELVVIDDE EEEDEGEAEK240
45 PSYHPIAPHS QVYQPAKPTP LPRKRSEASP HENTNHKSPH KNSISLKEQE ESLGSPVHHS300
PFDAQTTGDG TEDPSLTALR MRMAKLGKKV I 331

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 568:

- 50 (A) LÄNGE: 216 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 568:

LSLTSRMEEA ELVKGRLOAI TDKRKIQEEI SQKRLKIEED KLKHQHLKKK ALREKWLLDG 60
ISSGKEQEEM KKQNOQDQHQ IQVLEQSILR LEKEIQDLEK AELQISTKEE AILKKLKSIE120
RTTEDIIRSV KVEREERAE SIEDIYANIP DLPKSYIPSR LRKEINEEKE DDEQNRKALY180
15 AMEIKVEKDL KTGESTVLSS NTSGHQLTK GTGVKV 216

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 569:

20

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 569:

35

LEKLHICFPQ LFGNFSQIMT TTYSHGLIWY TVMIIFWTSE KINKISRREI CKCFLVSSSK 60
DVIYIGTTLR SPFFPALPFS SLKLLRMDPQ SHLQLSEHQM GNGGQCLSF LLALSEIWNF120
CGGIYDLCFH ED 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 570:

40

(A) LÄNGE: 199 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 570:

5 NEVTPWSFWW WTKLTFFFPL ALKKSSRVSS SHLPRIYQAF LMSATFNEDV QALKELILHN 60
PVTCLKQESQ LPGPDQLQF QVVCETEEDK FLLLYALLKL SLIRGKSLLF VNTLERSYRL120
RLFLEQFSIP TCVLNGELPL RSRCHIISQF NQGFYDCVIA TDAEVLGAPR QRAMRPRRA180
KTGTMASRFL ERTVVALGH 199

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 571:

10

- (A) LÄNGE: 195 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 571:

30 QRVRAALLSS AMEDSEALGF EHMGLDPRL QAVTDLGWSR PTLIQEKAIP LALEGKDLLA 60
RARTGSGKTA AYAIPMLQLL LHRKATGPVV EQAVRGLVLV PTKELARQAQ SMIQQLATYC120
ARDVRVANVS AAEDSVSQRA VLMEKPDVVV GTPSRILSHL QQDSLKLKRD LELLVVDEAD180
LLFSFGFEEE LKSLL 195

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 572:

- 35 (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 45 (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 572:

50 DIGHSDIPST VGSQLLNHGL CLPCQLLGRN KNKASHCLFY HRTCRLPMEQ QLQHRNSISG60
RLPGARAGPS QEVLPF 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 573:

- (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 573:

DSQVGRGPQR NSSLHTGRSV HWGEATGSLR HLQWGRAQPL LFLGGKLRFK LPGAQSMGRK60
QALXLLRVSV SPFFPLCLIN KFHFSHPNS L 91

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 574:

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 574:

EKWNLLIRHK GKKGETETLS KXRACFLPMD FPPGSLNRSE PPRKRRGWAL PHWRWRKLPV60
ASQQTLLPV CRLEFLWGPL PTWLSHCPL 89

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 575:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 575:

5

LIRCLRLFSH HVMERKLSTS FLRLPATQLL IHIWSEPWYP STIHARKLDV YSLPFFPLFG60
DFLLSSAEDG VLVCPMATKI 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 577:

10

- (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 577:

25

LLPLLLLLLIH GDTPXGPGPX XQEAPNHRH GLEEXRISXK SCMGXVDWNG PEGVEIYVDG 60
KEPHNKSQSS QLGFKTNGHX KSSEXVXHDV LDNRKEAGVK VKEGHEHQNQ QDPASELHVL120
FGGALTHGGD ARKHALPFRT GFSRSTQQPP PRARFLPLCR T 161

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 578:

- (A) LÄNGE: 160 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 578:

QTDNLSEKQP XGKXVCRGCP QGECSWERAV LLXPGRPALS XTLLXKXAPC EVNWXVVRGS 60
XXCXGAPAXT PXPXQXAAAS AXAGLEXSXA XAGXAGCCCX GLPXVWSXLA LPTASLEASX120
XPRPAASPRT SCPSTLPQAT KTRVLPNKX XLGTXSKLIF 160

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 579:

- (A) LÄNGE: 437 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 579:

20

SQGVLSSDGV WRVKSIPNGK GSSPLPTATT PKPLIPTEAS IRVWGTSGTS HLHPR SICMI 60
QKYNHDGEAG RLEAFSQGES VLKEPKYQEE LEDRLHFYVE ECDYLQGFQI LCDLHDGFGSG120
VGAKAAELLQ DEYSGRGIIT WGLLPGPYHR GEAQRNIYRL LNTAFGLVHL TAHSSLVCPL180
SLGGS LGLRP EPPVSFPYLH YDATALPFHCS AILATALDTV TVPYRLCSSP VSMVHLADML240
SFCGKKVVT A GAIIPFPLAP GQSLPD SLMQ FGGATPWTPL SACGEP SGTR CFAQSVVLRG300
YRQSM PHKPQ NQRTSTLCP SCMYHWGRNL GSVFTTAAAW SHEFFPSAAD SLQGGSS LPP360
PLLKLQSTGY GSGWFPQGS R SSVSLSLPQQ WRASQCLGHC VPLRPCTR PW KPWPETSPNS420
TCGAGPASWM LEWSTMT 437

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 580:

- (A) LÄNGE: 277 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 580:

45

TERLLLDGPP PHSPETPQFP PTTGAVLYTV KRNQVGPEVR SCPKASPR LQ KERE GQKAVS 60
ESEALMLVWD ASET EKLP GT VEPPASFLSP VSSKTRDAGR RHVSGKPD TQ ERWLPSSRAR120
VKTRDR TCPV HESPSGIDTS ETSPKAPRG LAKDSGTQAK GPEGEQQPKA AEATVCANNS180
KVSSTGEKV V LWTREADRVI LTM CQEQAQ PQT FNII SQ LGNKTPAEVS HRFRELMQLF240
HTACEASSED EDDATSTSNA DQLSDHG DLL SEEELDE 277

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 581:

- (A) LÄNGE: 172 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 581:

15 FPESHSSSSS SDRRSPWSDS WSALLVLVAS SSSSELASQA VWKSCMSSRK RWETSAGVLF 60
PSCWEMMLKV CGCAPCSWHM VRITRSASLV HRTTFSPVEL TLLLLAHTVA SAAFGCCSPS120
GPLACVPLSL AKPPLGALGE VSEVSIPDGD SWTGHVLSLV FTLALLEGSH LS 172

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 582:

20 (A) LÄNGE: 549 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 582:

35 EFPPGLTEPT AVRALARARR TRAGSASDPE RSPGAMALSE LALVRWLQES RRSRKLILFI 60
VFLALLLDNM LLTVVVPPIIP SYLYSIKHEK NATEIQTARP VHTASISDSF QSIFSYYDNS120
TMVTGNATRD LTLHQTATQH MVTNASAVPS DCPSEDKDLL NENVQVGLLF ASKATVQLIT180
NPFIGLLTNR IGYPIPIFAG FCIMFVSTIM FAFSSSYAFL LIARSLQGIG SSCSSVAGMG240
40 MLASVYTDDE ERGNVMGIAL GGLAMGVLVG PPFGSVLYEF VGKTAPFLVL AALVLLDGA1300
QLFVLQPSRV QPESQKGTPL TTLLKDPYIL IAAGSISFAN MGIAMLEPAL PIWMMETMCS360
RKWQLGVAFL PASISYLIGT NIFGILAHKM GRWLCALLGM IIVGVVSILCI PFPKNIYGLI420
APNFGVGAFAN GMVDSSMMPI MGYLVDLRHV SVYGSVYAIA DVAFCMGYAI GPSAGGAIK480
AIGFPWLMTI IGIIDILFAP LCFFLRSPPA KEEKMAILMD HNCPIKTKMY TQNNIQSYPI540
45 GEDEESED 549

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 583:

50 (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 583:

YLLSHWNQYF WDTCTQNGEV ALCSSGNDNC WSQHFMYIS KKHLWTHSSE LWSWFCKWNG 60
GFVNDAYHGL PRRPAARVRL WECVRHCGCG ILYGVCYRSF CWWCYCKGNW ISMAHDNYWD120
N 121

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 584:

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

:

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 584:

DGGSVHWPGR LDFCSILLML NAVQITWDDG DHDSEQHVVO QQRQEHDEQD ELPRAAALLQ 60
PADQRQLAQG HSGAPLGVA CAACPGPPCP RQRPHRSGLR QSGREF 106

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 585:

(A) LÄNGE: 409 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
40 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 585:

KSRLSVTLMP VQLSEHPEWN ESMHSLRISV GGLPVLASMT KAADPRFRPR WKVILTFVVG 60
AAILWLLCSH RPAPGRPPH NAHNWRLGQA PANWYNDTYP LSPPQRTAG IRYRIAVIAD120
LDTEPTAQDE NTWRSDLKKG YLTLSDSGDK VAVEWDKDHG VLESHLAEKG RGMELSDLIV180
FNGKLYSVDD RTGVVYQIEG SKAVPWVILS DGDGTVEKGF KAEWLAVKDE RLYVGGGLGKE240
5 WTTTTGDVVN ENPEWVKVVG YKGSVDHENW VSNYNALRAA AGIQPPANLI HESACWSDTL300
QRWFFLPRRA SQERYSEKDD ERKGANLLLS ASPDFGDIIV SHVGAVVPTH GFSSFKFIPN360
TDDQIIIVALK SEEDSGRVAS YIMAFITLDGR FLLPETKIGS VKYEGIEFI 409

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 586:

10

- (A) LÄNGE: 249 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 586:

KLSPDGLAQC FRFELNELDA FVFHASDLGL RQOEAPVQRE GHVGGDSAA VLLGFEGHND 60
LVVGVGDELE GREAVSGDHR PDVAHSDVAE VRGGAQQQVG ALALVLLAV ALLAGAARQE120
EPALQRVTPA GRIMDEVSWR LDAGSSPQGV VVGHPVLVVH AALVAHHLHP LRVLVHHITR180
30 SGRPLLAQAA HVQTLVLHCQ PFGLEAFLHG AVAVGQNHGP HGFAAFDLVD DPRPVIHGVE240
FPIENNQVG 249

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 587:

35

- (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 587:

50

LEFFIPCLGS VNEACLFPGV SFHGLYFSSS SGSFAGSSLW KLHERWLGLG FAGVYSRVKA 60
EWDLRPRLGT TQAEKGRFHH SQCPHSHNYL TPTPTLTPTP PRDRQGCHGG PEGAGSGCPC120
AGPSQTSPL KLKHSCEEGS EEGPLSHGCL FPPLCHR 157

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 588:

(A) LÄNGE: 144 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

5 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 588:

NTMAVAARKW VMSKRTILKH LFPVQNGALY CVCHKSTYSP LPDDYNCNVE LALTS DGRTI 60
VCYHPSVDIP YEHTKPIPRP DPVHNNEETH DQVLKTRLEE KVEHLEEGPM IEQLSKMFFT120
20 TKHRWYPHGR YHRCRKNLNP PKDR 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 589:

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren

25 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 589:

40 IHQTAFSQMA NEAHFSLIPP GTSASSVFWR IQILTTSVIP SMRIPTVLSS KEHFAKLFIH 60
RSFLKVFNFH FQSGFQHLIM CFFIIMHRIW PRDRFCVFIW NVHRRVVAYY CPAIRSQSKL120
YVAIIVIW 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 590:

45

(A) LÄNGE: 61 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 590:

10 KLVCLLEADSK SSFSSEHLFS YHLISILKHH GCSCSKMGDV KENYLETFIS SPKWSFILCL60
S 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 591:

15 (A) LÄNGE: 173 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 591:

30 AQESPWQLCR GARTSKRKLP KLGMEQHCNE MCPSSSLFLP GAYKAQMYSD VWTNTKKKKK 60
KKKKKAFLSH RHKTQIIICY EALFTNGQFL HFIAACERLP DGRPISLVLQ TSSQAAFYQK120
GENSCLSLFK NAFLYLSIRH YTSELYKRPG GTMSLVDTFH CSVAPFLAWE ASA 173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 592:

35

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 592:

TCEPFRNPQV GKDPTPSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60
RDLLLLARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 593:

- 5 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 593:

20 TCEPFRNPQV GKDPTPSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60
RDLALLARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 594:

- 25 (A) LÄNGE: 172 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 594:

40 TPALRARS LR DRCARAPCPH GGQRRRRRL NAEGAEGARG GGSSYSEMAE TVADTRRLIT 60
KPQNLNDAYG PPSNFLEIDV SNPQTVGVGR GRFTTYEIRV KTNLP IFKLK ESTVRRRYS D120
FEWL RSELER ESKVVVPPLP GKAF LRQFLL EEMMEY LMTI LLRKENKGWS SL 172

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 595:

45

- (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 595:

10 SAAGCQPRSP PFRSCCRRR GLPPPPRSA AAAGAAARRG DTGLARSGRE ENEHVERAFT 60
PHAKLLPAPL KLPPSPGK RLTSWNATPG SREARPLGR GTADWGVRRS GVMGLGVANR120
FRPDYSA 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 596:

15 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 596:

30

FTSQPFKVTV SSSNSRFFQL ENRKICLDPD FVSGEAPAD PHRLRVAHID LEEVAGGSVG 60
VIQVLRGLDQ PPGVSHGLRH FAVAAAAAAG SLRPLRVQPP PPALLPAVGT RGSRAAVAKR120
TST 123

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 597:

(A) LÄNGE: 262 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 597:

SCGDVEQKIQ FKRETASLKL LPHQPRIVEM KKGSNGYGFY LRGSEQKGQ IIKDIDSGSP 60
AEEAGLKNND LVVAVNGESV ETLDHDSVVE MIRKGGDQTS LLVVDKETDN MYRLAHFSPF120

LYYQSQELPN GSVKEAPAPT PTSLEVSSPP DTTEEVDHKP KLCRLAKGEN GYGFHLNAIR180
GLPGSFIKEV QKGGPADLAG LEDEDVIEV NGVNVLDPEY EKVVDRIQSS GKNVTLLVCG240
KKAYDYFQAK KPIVPSLAD AS 262

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 598:

- 10 (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 598:

KGWRSDFTVG GRQRDGQHVQ TGSFFSISLL SKSRTAQWLC QGGSSSYSHF SGSLKSTRYY60
RGSRS 65

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 599:

- 30 (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 599:

AEDTIQKRNS QFETVTPPAP NCGDEERKQW LWFLSEGRLR TERSNHQGHR FWKSSRGGWL60
EEQ 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 600:

- 50 (A) LÄNGE: 336 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 600:

15 KLNFTMRCC HICKLPGRVM GIRVLRSLV VILVLLLVAG ALTALLPSVK EDKMLMLRRE 60
IKSQGKSTMD SFTLIMQTYN RTDLLLKLIN HYQAVPNLHK VIVVWNNIGE KAPDELWNSL120
GPHPIPVIFK QQTANRMRNR LQVFPELETN AVLMVDDDTL ISTPDLVFAF SVWQQFPDQI180
VGFVPRKHVS TSSGIYSYGS FEMQAPGSGN GDQYSMLVIG ASFFNSKYLE LFQRQPAAVH240
ALIDDTQNC DDIAMNFIIAK HIGKTSGIFV KPVNMDNLEK ETNSGYSGMW HRAEHALQRS300
YCINKLVNIY DSMPLRYSNI MISQFGFPYA NYKRKI 336

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 601:

20

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 601:

HALKILQHYD FVPWFSCQL QKKNIKVKQT KTNLKTAWHL SSFSMLCIFL SNIMNFIYSR 60
SLYNRKKS AV LLGYKIHITF ESQEVGLIQL GLLMKSFHGP I 101

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 602:

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 602:

5 FKSFNKRSVL LYVCIMRVKE SMVDLPWDFI SLRNMSILSS LTLGSKAVKA PATSNNTTRMT60
TKDNRSTRIP ITLPGSLQMW QHLIVLKFN 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 603:

10 (A) LÄNGE: 163 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 603:

25 IYGVSFILFN IKNIYVSVIP CQGCLLVCLR FCFIFIHVVV IFSSQFLLVS PFPGSFLLLL 60
LSVGDDKLVS LRALHLWIFL XSLTGQPAPV GSGPVLRLPR SLFHLQVCLP XPAPGLAPAA120
ACPSEALLSP PGSHGWFEPLS QLVSLNPKPL RNWGLVSGTC CYQ 163

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 604:

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 604:

PLSFLMYKTL LSGLEFEHLW XFIYFAXVCG QSNIFPKYIL PRKXKKQIRX FDXKXNRPKK 60
GAXTWSRAWX RGKAXRGQVC CGQICAYFIT GVKXKQSDID VXRIYTVXRN XRXFXKKNRN120
50 TXWXXFYHXX YTFSLWXNXL TKLXFKIKLM 150

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 605:

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 605:

LDFKXQFCES IXPQAKCVXX MIKXXPXXIP VFLKXVPXIS XHCIYPXDIN XTLEFSFYSSN 60
KVGTDLSTTN LPSXCLASXP CSAPGXXPLX XPVXFVVKXP NLLAFSW 108

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 606:

- (A) LÄNGE: 203 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 606:

GPSALVHVR PDLCNPLSC GSLACMAYTG ELGLWAVQTQ GSHFAFPLLS PFSILALRQN 60
FSQRRTLCCP RAVILPFLP SFHPSSAQMK SSRNSSFLPL WDSETGNLQG GVFPSPFLFL120
STPRGTAAV PTSGTELHTI VGKLQGPLLL VLAHLCYWS FWQKRKMIEP RVAPECSSLT180
40 VEGPKLVFRA HPRREVIRCH AFC 203

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 607:

- 45 (A) LÄNGE: 154 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 607:

EVROKEWCLL WSFPFPGAGL CAKLGPOHIW STLLVGARPE HLTQPVHTAP RVPPLSQAGP 60
TAPGSADKGM ACPLRCQNSI QKAPPQVDVV PGAGEESGTT TLAVNLSNRG LGFLVAASCP120
GLEVHRSRGV PLGTKDMPHW GCNGEKSGKL GAQL 154

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 608:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 608:

CGVLSLRWVQ QPWFLWGLRI RIVGREKLLL EDFLSQSPRE VERRNFCWTS SGQRKDGMMKV 60
EKAELQLSGD NKEFFSGKSF VLEQGWMGT TKEKQSVTLG FGQPRGPAPQ YKPYRPGTHR120
RVD 123

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 609:

(A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 609:

50

LVEPNGLFWF HFSASRRQNK ESHSKMFIVD NMSLKVVPLC SYSTEEMIHI PIIDMVSQSE60
ESFRRLHKYV LCTCPMLGMR KIIVIDKT 88

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 610:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 610:

SCFHKLSTQE PDGKKNKNYA DNYRKINPNL VKLVKACTFQ RFIRTGLNRE FLLNKMALTL60
VPRNWNPPQRS YTGDNALIL 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 611:

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 611:

MGITHECVIL LGASANSLTV VPSLTLPVHH LRRLDPSLTS PFLKPVSFSL LPNWLWFLQ60
PFHSRAIFAK E 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 612:

- (A) LÄNGE: 395 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 612:

APMRPERPRP RGSAPGPMET PPWDPARNDL LPPTLTPAVP PYVKLGLTVV YTVFYALLFV 60
FIYVQLWLVL RYRHKRLSYQ SVFLFLCLFW ASLRTVLFSF YFKDFVAANS LSPFVFWLLY120
CFPVCLQFFT LTLMNLYFTQ VIFKAKSKYS PELLKYRLPL YLASLFISLV FLLVNLTCAV180
10 LVKTGNWERK VIVSVRVAIN DTLFVLCVAV LSICLYKISK MSLANIYLES KGSSVCQVTA240
IGVTVILLYT SRACYNLFIL SFSQNKSVHS FDYDWNVSD QADLKNQLGD AGYVLFQVVL300
FVWELLPTTL VVYFFRVRNP TKDLTNPGMV PSHGFSPRSY FFDNPRRYDS DDDLAWNIAF360
QGLQGGFAPD YYDWGQQTNS FLAQAGTLQR LNFGS 395

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 613:

(A) LÄNGE: 213 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 613:

ARCAETPAGA AAASPDEAR ASPAARQRPR PDGDPVAVGPS PQRLAAAHAD PGRAPLREAW 60
PHRRLHRVLR AALRVHLRAA LAGAALPPQA AQLPERLPLS LPLLGLPADR PLLLLQLRLR120
35 GGQFAQPLRL LAALLLPCVP AVFHPhADEL VLHAGDFQSQ VKIFSRIITQI PVAPLPGLPL180
HQPCFPVGEF NLCCAGKDGK LGEEGYRLCA SGH 213

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 614:

40 (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 614:

LG FENHLREV QVHQREGEKL QAHREAVEQP EDEGAERIGR HEVFEVEGEE DGPQGGPEEA 60
EKEEDALVAE PLVAVTQHQP ELHVDEHEEQ RVEHGVDDGE AKLHVGGHGR GQRGRQRVVA120
GWVPRRGLHR AGGAAARPGT LGPHRGSRPP PPRGSPRIA P 161

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 615:

- 10 (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 615:

25 HKKTSSSYSGV TVCSYDSIIR LKAGEICVQF NRTQLKGRQV GWERKLLSGG IRGNQSKTKF 60
YCLQFNSIIA IMCSGKHIPV LLDRVSFPFS GTKMVEGIIN PT 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 616:

- 30 (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 616:

45 VTCLSLYVET NFTMITDLN ISSLNFTIL KCLLENLHLF VPRCSSSIKP WAYFSVLLRP60
NEVGRGGQFC INIRYFVIHS PNLKLY 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 617:

50

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 617:

RMLIQNCPPR PTKFGLRRTL KYAHGFIDEE HLGTKRCKFS SRHFKIVWKF KLEMLHRSVI60
MVKLVSTYKD KQVTHW 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 618:

(A) LÄNGE: 378 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 618:

SRCRFCCRLS AAFLPRAMLG LAIVLAGRLN EGDRFLKPPI SLRNFSFWSS FSKPAVSHWP 60
NWVPVHFLVS EASVLPDSRS ISSCKAFRLT WSMCASSMLP FFSNTTSKSV SVSSLQGSPA120
TPLSFLFFLV FLFRAGSSMT GCSTFFLDFI FFFAEDLGSS LMGMYSGAST LTGFFLLPFL180
GLLSMDLEGL EWPGRASPSW WIFFFFFFFP L CSLGLFRLP FLXPRLPVPH PSSPLXQVSP240
TSLASLASQN QGSWTEKAXG VLGPPFFPSC XFLSFLPTLV SSSPCLXVLG RFSPQRHGTW300
LEVTSXFFFS PLRNSKPNT CFLRLGDFSV RLAGSVVSGS TCSSQRVLTP FFFFFFFFT360
GISGACPWAT LLXGGCSS 378

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 619:

(A) LÄNGE: 269 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 619:

5 GTGSLGXRNQ XRKSPREHNG KVKKKKKIHO EGDALPGHSH PSRSMESSPR KGSKKKPKVKV 60
EAEYIPISD DPKSSAKKKM KSKKKVEQPV IEEPALKRKT RKKRKESGVA GDPWREETDT120
DLEVVLEKKG NMDEAHIDQV RRKALQEEID RESGKTEASE TRKWTGTQFG QWDTAGFENE180
10 DQKLKFLRLM GGFKNLSPSF SRPASTIARP NMALGKKAAD SLQQNLQRDY DRAMSLEVQP240
GSRLAVFSTA PNKIFYIDRN ASKSVKLED 269

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 620:

15 (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 620:

30 VRVCFLPPRV SCYPTLFPLL PRLPFQSWLL DDWLLYLLFG LHLFLCGGLR VITYGDVFRS 60
LNFDWLLFTS FPRAALHGGP GLGVAWEGIS LLVDFFFLH LPIVFSGALP XSVSXPKAAC120
SSSFFPTXAS VPNIPLGLPL TEPRVLDREG XWGPXPFFS FLXFFELLAN SGFLTLSXG180
XGEVFTPEAW DMARGDFLXF LFPTEELQVA KHLLEAG 218

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 621:

(A) LÄNGE: 389 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 621:

AAGACGARGS GRRGSYVPEV RCGAPGGAAG TGAPRSCCCQ TNPGPSSLR RAFRRRELPH 60
PACHEIGLGA EAGSGPPAP AARESRSRAM EEEASSPGLG CSKPHLEKLT LGITRILESS120

PGVTEVTIIE KPPAERHMIS SWEQKNNVCM PEDVKNFYLM TNGFHMTWSV KLDEHIIPLG180
SMAINSISKL TQLTQSSMYS LPNAPTLADL EDDTHEASDD QPEKPHFDSR SVIFELDSCN240
GSGKVCLVYK SGKPALAEDT EIWFLDRALY WHFLDTFTA YYRLILITHLG LPQWQYAFTS300
YGISPQAKQW FSKYKPITYN TNLLTEETDS FVNKLDPKSV FSKKNKIVIP KKKGPVQAPAG360
5 GQKGPSPGSG PSTSSTSKSS SGSGNPTRK 389

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 622:

10 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 622:

25 ARPAPAGREG RGEGEATSRG CGVGHRAGPR EPAPHGAAV RPTPGPHHC AALSGAENYR 60
SRHAMKLASA LRRGPALHPL PPRANRGREP WRRHRPRGW AAASRTWRS 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 623:

30 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 623:

45 RSAGGFSSMV TSVTPGEDSR MRVMPVSFS RCGLLQPSPG DDASSMARD RDSRAAGAGG60
GPDPASAPRP ISWHAGNGSS RRLKARRSDD GGPGGLV 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 624:

50 (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 624:

15 CCTEHRWPAS MPPQLQETRM NRSIPVEVDE SEPYPQQLK PIPEYSPEEE SEPPAPNIRN 60
MAPNSLSAPT MLHNSSGDFS QAHSTLKLAN HQRPVSRQVT CLRTQVLEDS EDSFCRRHPG120
LGKAFPSGCS AVSEPASESV VGALPAEHQF SFMEKRNQWL VSQLSAASPD TGHDSKSDQ180
SLPNASADSL GGSQEMVQRP QPXQEPSRPG SANHRHGI 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 625:

20 (A) LÄNGE: 212 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 625:

35

NLQITSGLYP GRSPACALKE WRTVKTVSAG DTQAWAKLSL LGALQSASLR LSLWLEPSLQ 60
SISFHLWKNV INGWYLSFQR LLLTLAMTQT NQTKVYLMPO QTPWAVARRW CNGPSLHRNR120
AGLDLPTIDT GYDSQPQDVL GIRQLERPLX LTSVCYPQDL PRPLRSREFF QFEPQRYPAC180
AQMLPPNLSP HAPWNYHYHC PGSPDHQVXI WP 212

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 630:

(A) LÄNGE: 184 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 630:

5 FMINVSFFFF LAAGRGKEEE MGCDGSKAGK VSHGPQTPFP PLSLSPLPKK KKKETFIMNQ 60
QGFSPYQREM WKELKKPPFV PNSTLPIFYA QTLSFWVPF LQMDLLRRII VFHVFSPOVT120
KINICIYNLY YCYIFVDNTF RWCWVIYYNL NLGISFGLPQ SLLRWGPWYG KTPRYNVTSP180
QPLY 184

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 631:

(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 631:

30 GPWLTFPAFD PSHPISSSFP LPAAKKKKKE TFIMNQOGFS PYQREMWKEL KKPPFVPNST 60
LPIFYATQTL SFWVPFLQMD LLRRIIVFHV FSPQVTKINI CIYNLYCYI FVDNTRWCW120
VIYYNLNLGI SFGLPQSC 138

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 632:

(A) LÄNGE: 91 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 632:

50 VVKGRKGKPW SSNPISSSFP LPAAKKKKKG NVYHESTGFQ SLSKRVERA KETTLCSQLH60
FTHILCNTNT VLLGPFLTDG PLEKNYRIPR F 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 633:

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 633:

RNHAKIQ LPM QAPQSLILSS QFCCQATV VVW RLVGCCPCCN EWEEVD SG MV ETFTSSSPAT 60
GIPPRPVLCC GGRFKSKLL FEVGFAVWEK XHDAIAXERP SKDSGLPGLE N 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 634:

(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 634:

LRRNCPVQRP TFPFAPHLER TPLHTLQPPK VPGSGFLHPA AATNANSLNS TFSVLPQRFP60
QFQQHRAVYN SFSFPGQAAR YPWMAFPXQ 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 635:

(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 635:

FIQFSRPGSP LSLDGLSXAI ASCXLNHTAN PTSNSNFLDL NLPPQHNTGL GGIPVAGEEE60
VKVSTMPLST SSHSLQQGQQ PTSLHTTVA 89

10

Pat ntsanspruch

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert,
umfassend
5 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No 1-126 und
Seq. ID No 531-552, 554, 555.
10 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-
Sequenzen
oder
15 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten
Nukleinsäure-Sequenzen ist.
20 2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos1 - 126 und
Seq. ID No 531-552, 554, 555 oder eine komplementäre oder allelische Variante
davon.
25 3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-
552, 554, 555, dadurch gekennzeichnet, daß sie im Uterustumorgewebe erhöht
exprimiert sind.
30 4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre
chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis
Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555, zur Verwendung als Vehikel
zum Gentransfer.
35 5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch
gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen
Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
40 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch
gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen
Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
45 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6
genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß
sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.

8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
- 5 9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
- 10 10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 15 11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 20 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
- 25 13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 30 14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 35 15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
- 40 16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 45 17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
- 50 18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem *E. coli* und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
- 5 20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
- 10 21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
- 15 22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
- 20 23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. Seq. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635.
- 25 24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenes Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23 binden kann.
- 30 26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 35 27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor.
- 40 28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Endometriumtumor verwendet werden können.
- 45 29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 in sense oder antisense Form.

30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Endometriumtumor.
- 5 31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Endometriumtumor.
- 10 32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635.
- 15 33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
- 20 34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
- 25 35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555.
- 30 36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 35, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
- 35 37. Verwendung gemäß Anspruch 36, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

1/10

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

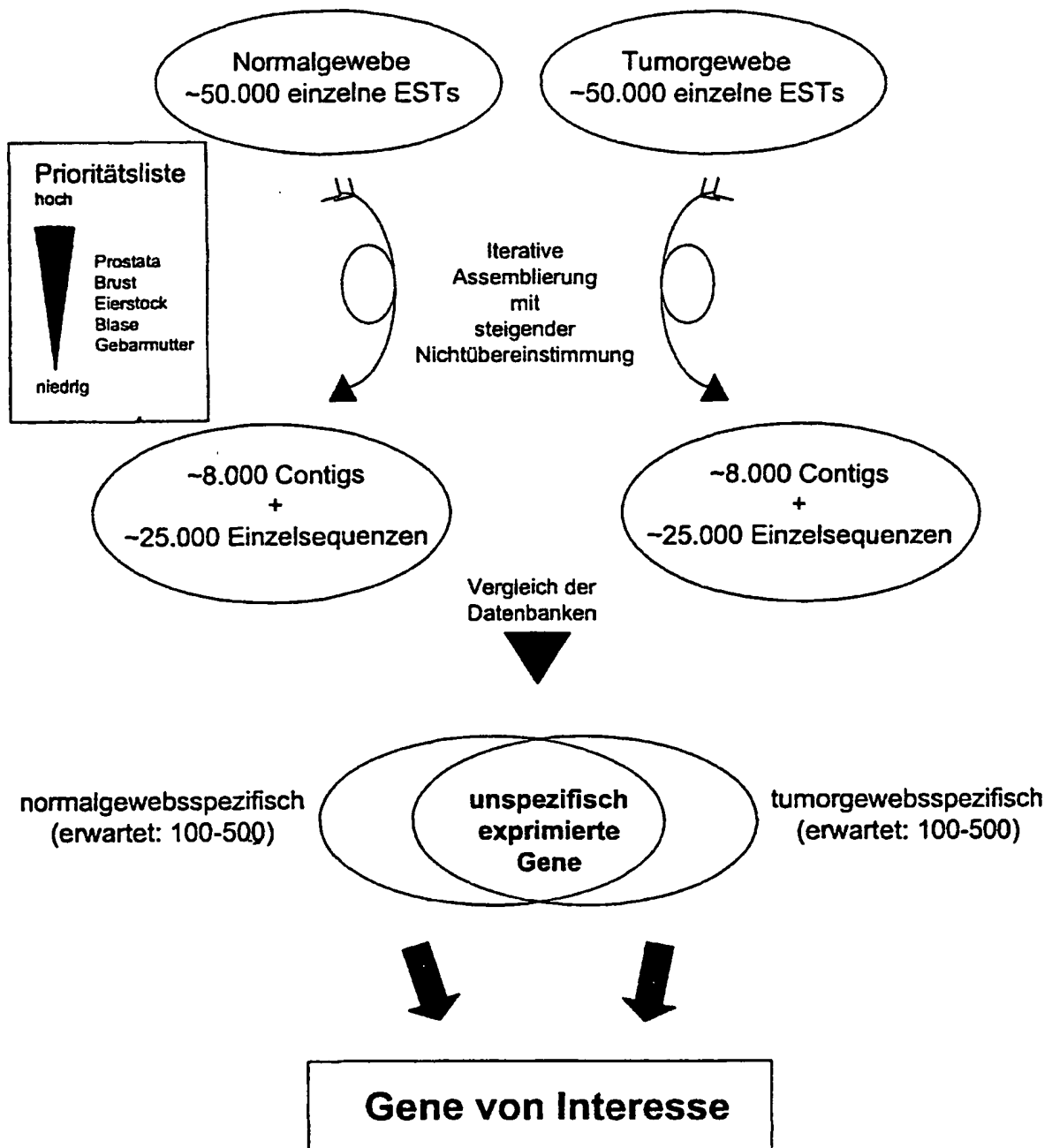


Fig. 1

2/10

Prinzip der EST-Assemblierung

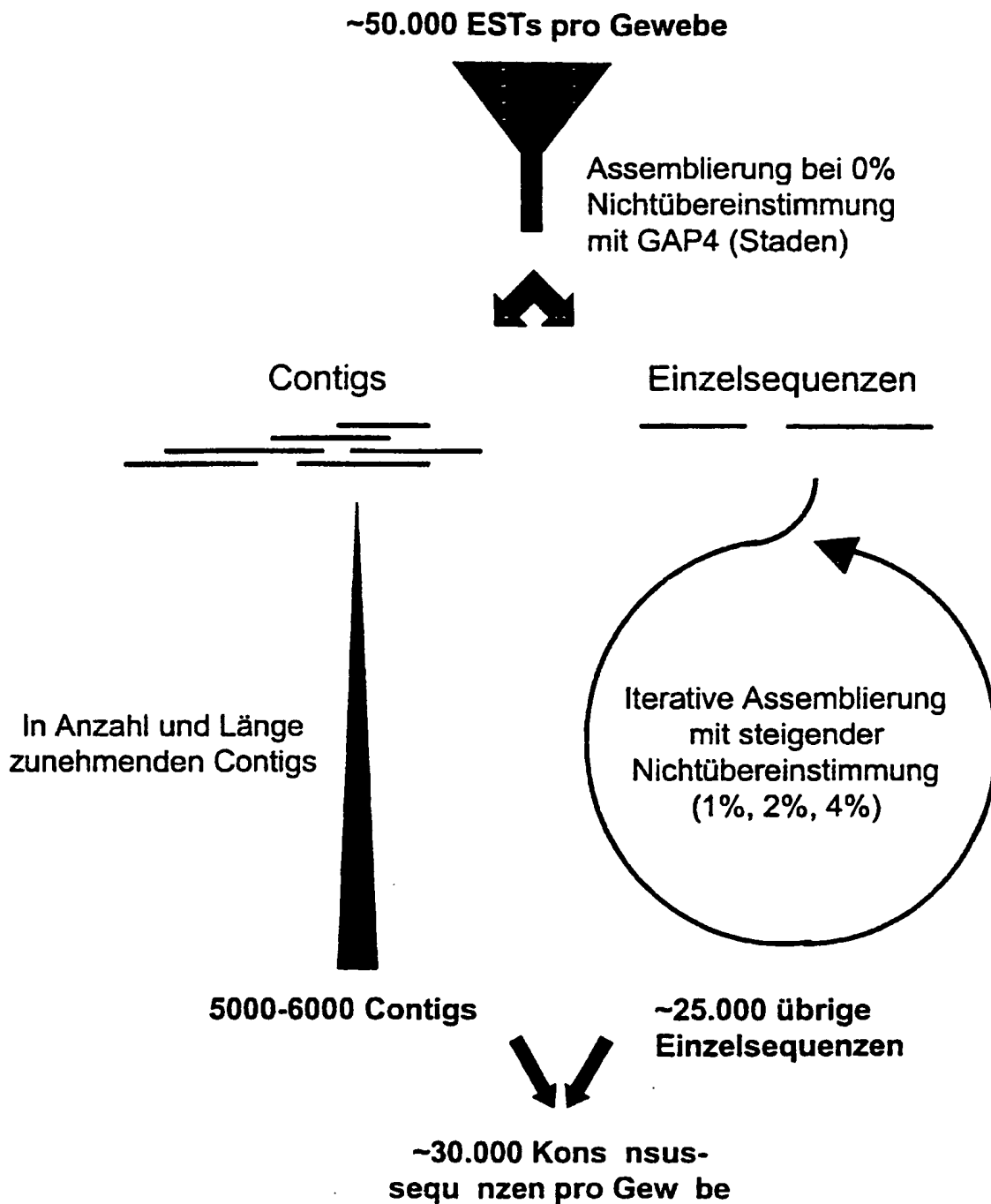


Fig. 2a

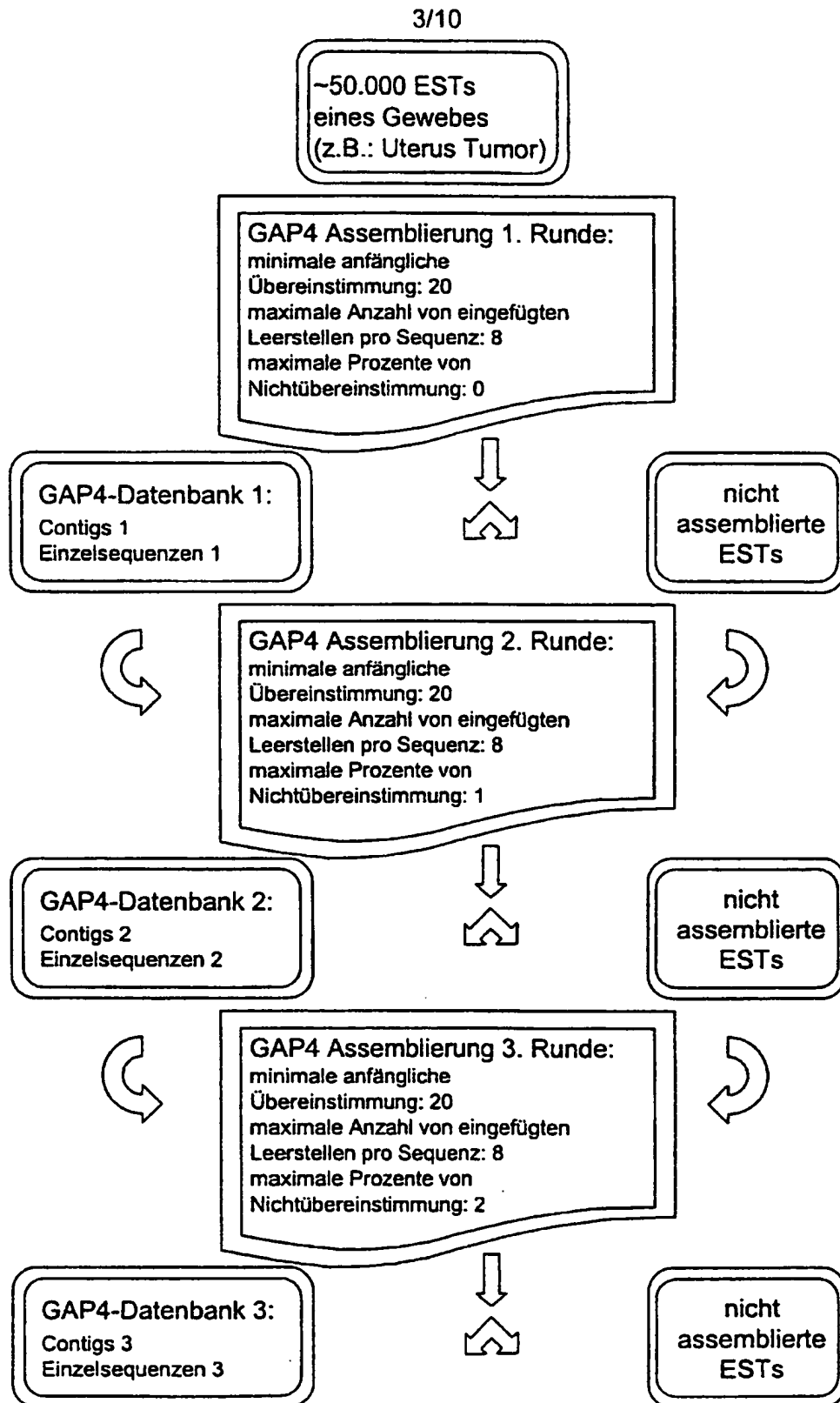


Fig. 2b1

4/10

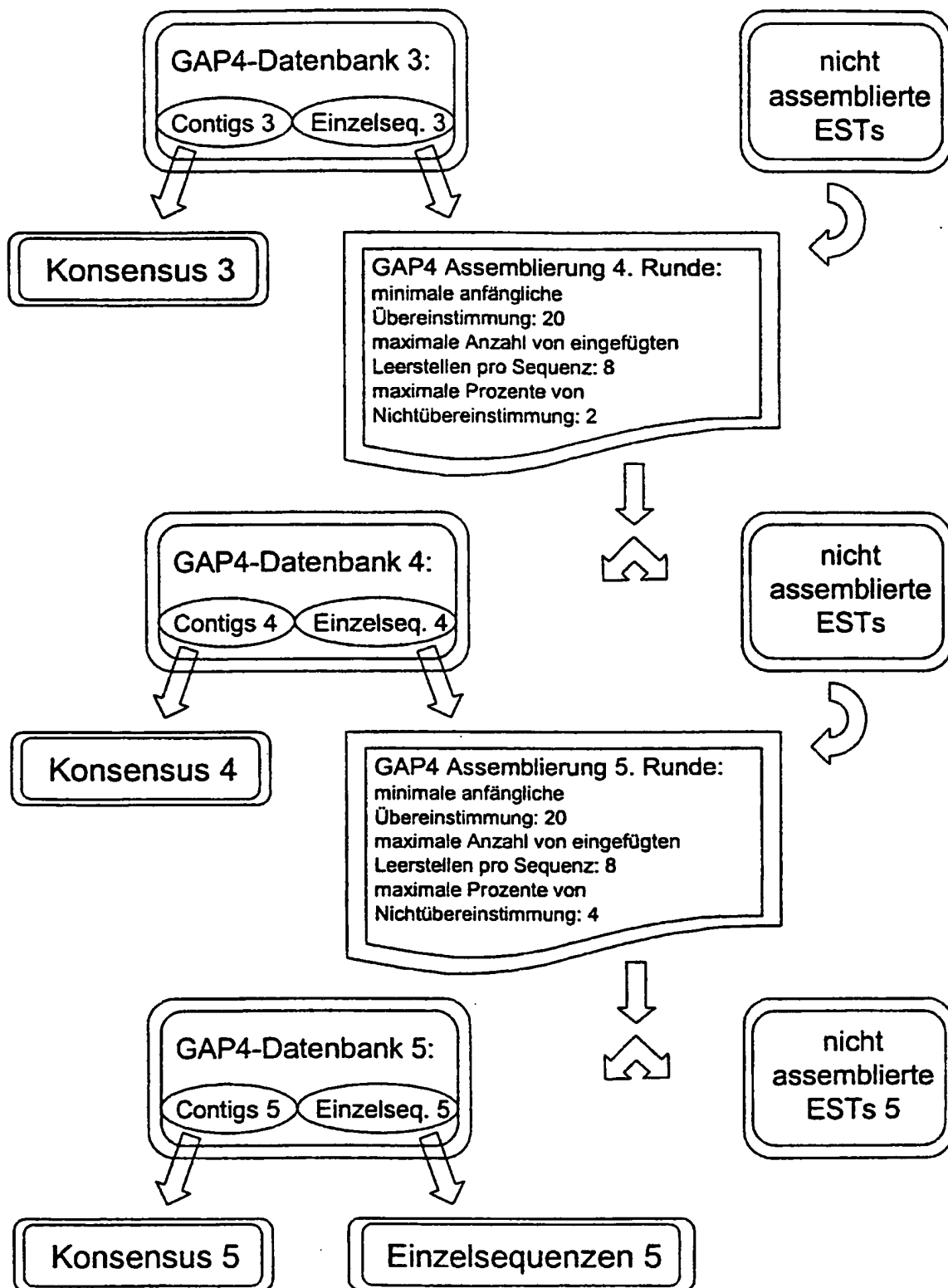


Fig. 2b2

5/10

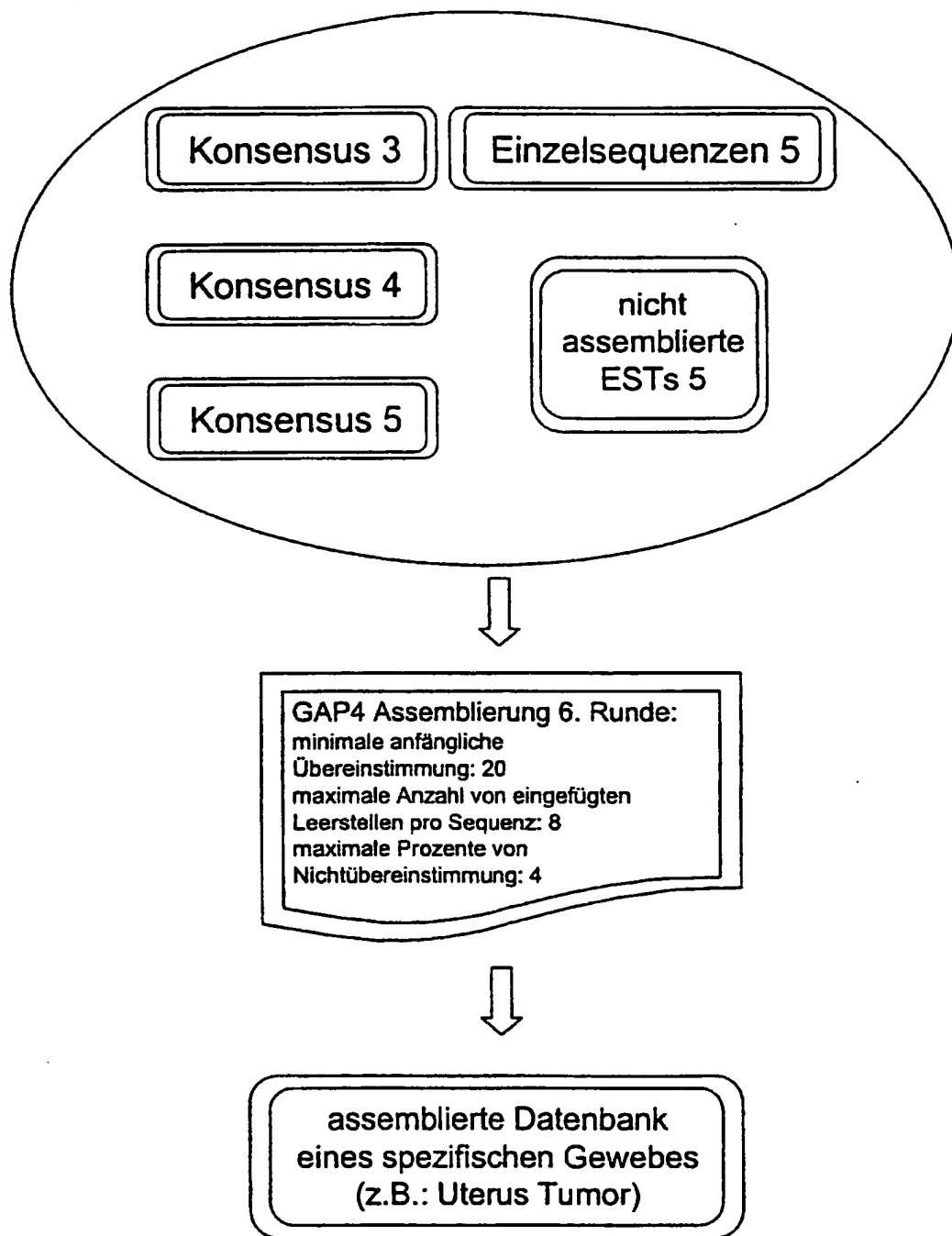


Fig. 2b3

6/10

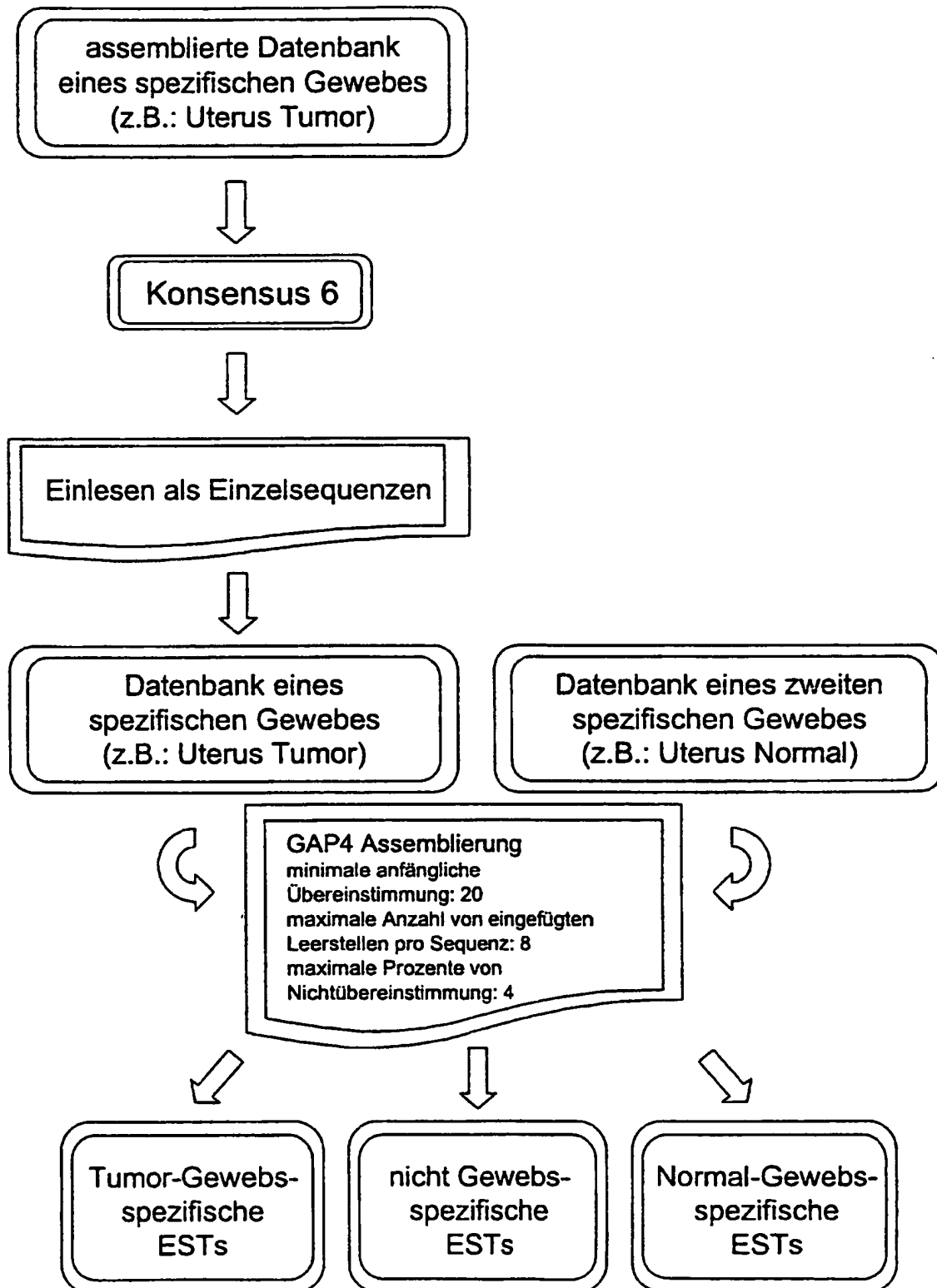


Fig. 2b4

7/10

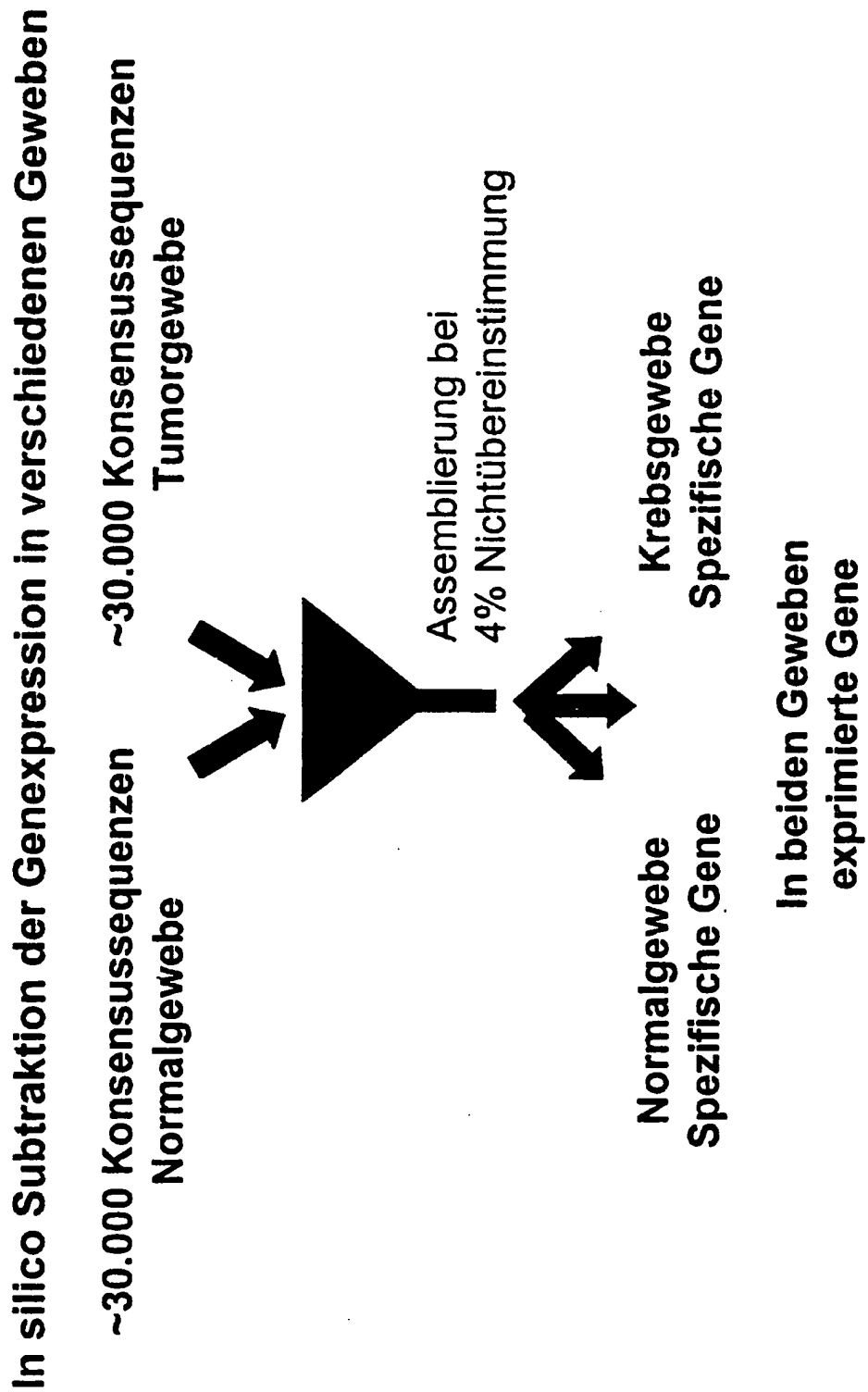


Fig. 3

8/10

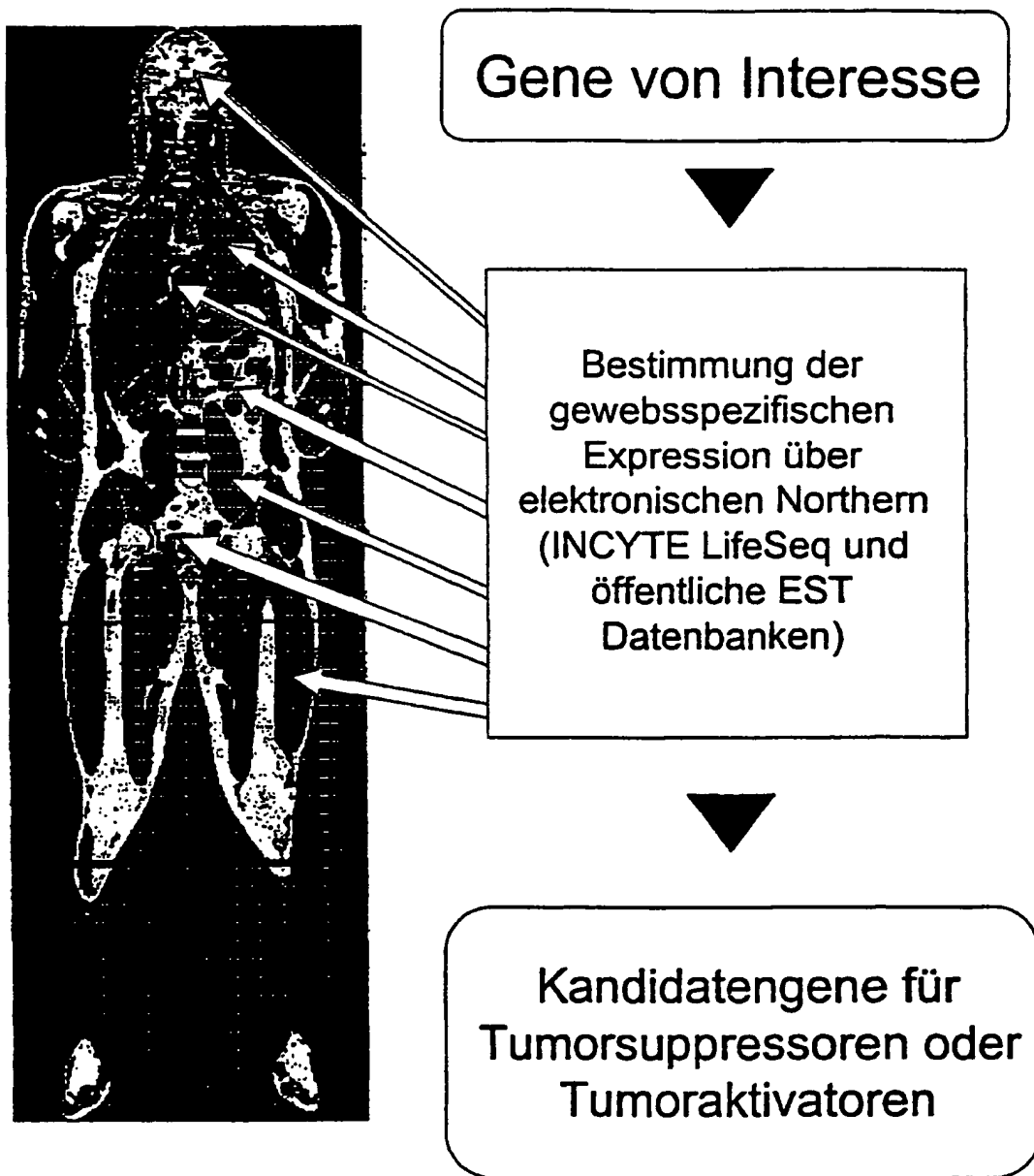


Fig. 4a

9/10

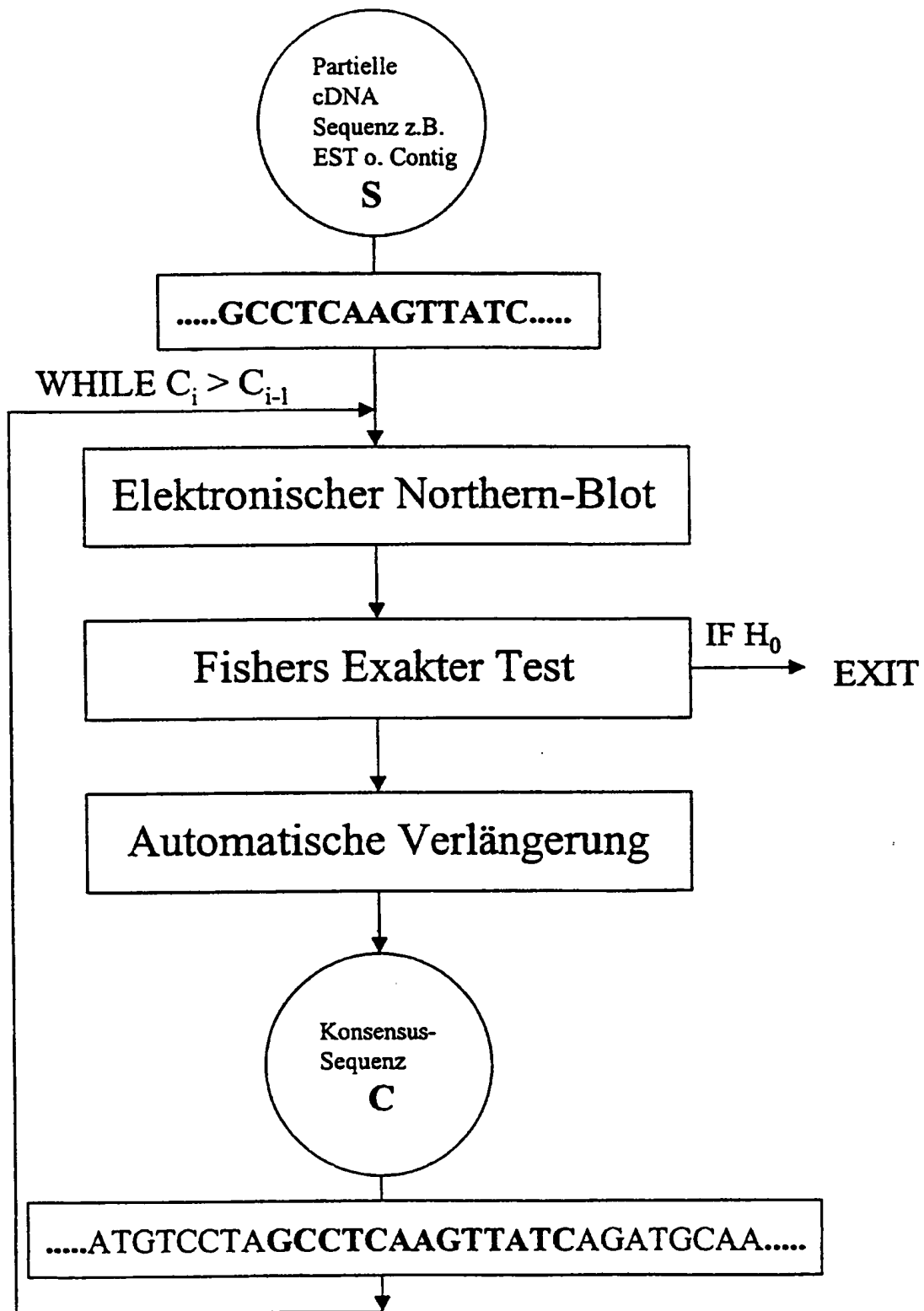


Fig. 4b

10/10

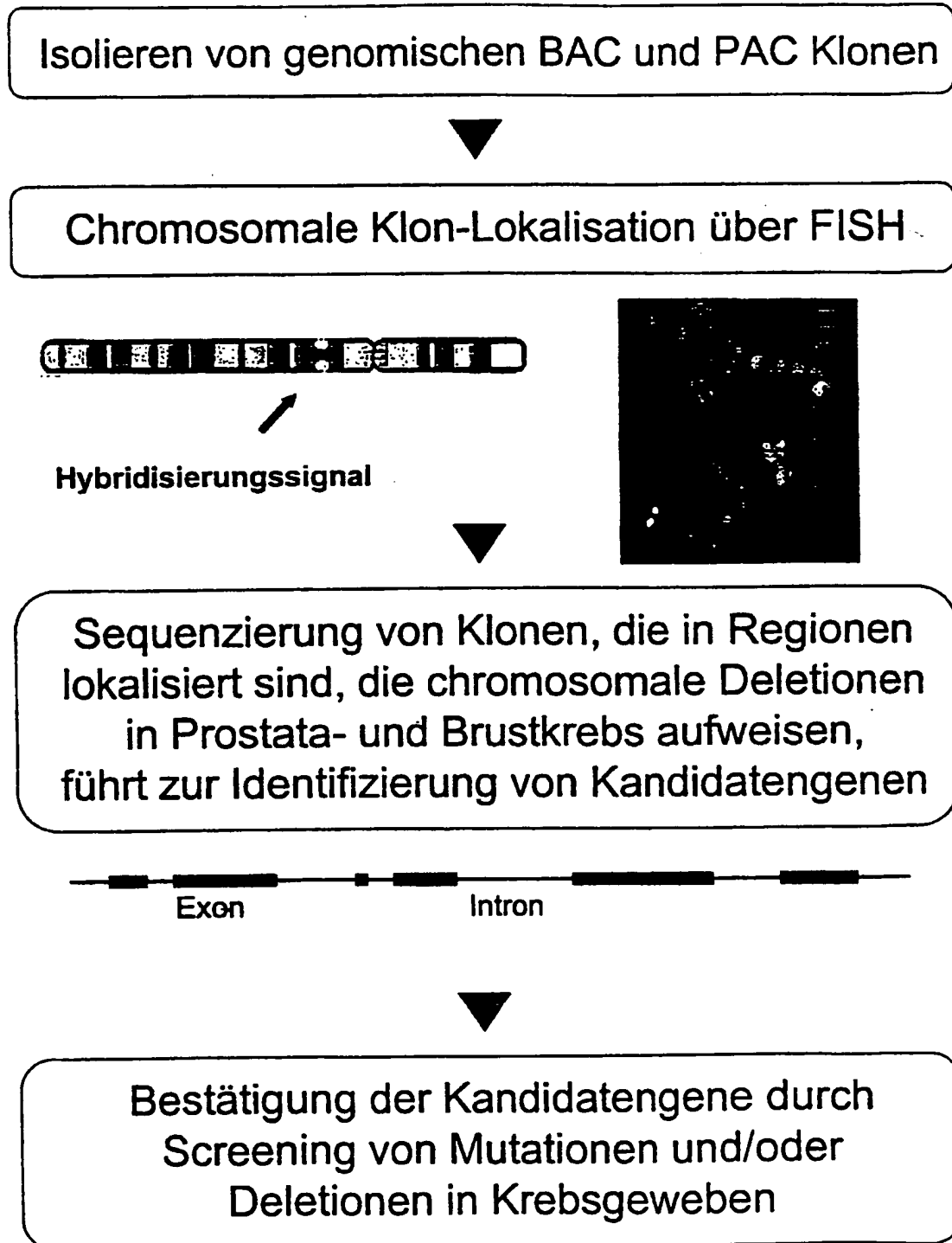


Fig. 5